

GTCGACCCACGCTCCGGGAGCGGGCTAAGAGTCCGACCGCCTCACAACCTGGGAACCGAGAGTAGGGCCGTC	79
GGCTGGCAAGAACC CGCGTGCCTCCTCGGCAAGGCCCATCCGGTGCCACCCATGTCGCACTAGAGCAGAAGAGGTGA	158
<div style="display: flex; justify-content: space-around; margin-top: 10px;"> <span>M</span> <span>T</span> <span>W</span> <span>L</span> <span>V</span> </div>	
GTCCCTGAACCTGCAACCTGCACAGAGCTGCTCTGTACTGTCCCTGGTGGTCCGCC ATG ACC TGG TTG GTG	229
L L G T L L C M L R V G L G T P D S E G	25
CTG CTG GGG ACA CTG CTC TGC ATG CTG CGC GTT GGG TTA GGC ACC CCG GAC TCC GAG GGT	289
F P P R A L H N C P Y K C I C A A D L L	45
TTC CCG CCC CGT GCG CTC CAC AAC TGC CCC TAC AAA TGT ATC TGC GCT GCC GAC CTG CTA	349
S C T G L G L Q D V P A E L P A A T A D	65
AGC TGC ACT GGC CTA GGG CTG CAG GAC GTG CCA GCC GAG TTA CCT GCC GCT ACT GCG GAC	409
L D L S H N A L Q R L R P G W L A P L F	85
CTC GAC CTG AGC CAC AAC GCG CTC CAG CGC CTG CGC CCC GGC TGG TTG GCG CCC CTC TTC	469
Q L R A L H L D H N E L D A L G R G V F	105
CAG CTG CGC GCC CTG CAC CTA GAC CAC AAC GAA CTA GAT GCG CTG GGT CGC GGC GTC TTC	529
V N A S G L R L L D L S S N T L R A L G	125
GTC AAC GCC AGC GGC CTG AGG CTG CTC GAT CTA TCA TCT AAC ACG TTG CGG CCG CTT GGC	589

Fig. 1A

R H D L D G L G A L E K L L L L F N N R L 145  
CGC CAC GAC CTC GAC GGC CTG GGC GCG CTG GAG AAG CTG CTT CTG TTC AAT AAC CGC TTG 649  
V H L D E H A F H G L R A L S H L Y L G 165  
GTG CAC TTG GAC GAG CAT GCC TTC CAC GGC CTG CGC GCG CTC AGC CAT CTC TAC CTG GGC 709  
C N E L A S F S F D H L L H G L S A T H L 185  
TGC AAC GAA CTC GCC TCG TTC TCC TTC GAC CAC CTG CAC GGT CTG AGC GCC ACC CAC CTG 769  
L T L D L S S N R L G H I S V P E L A A 205  
CTT ACT CTG GAC CTC TCC AAC CGG CTG GGA CAC ATC TCC GTA CCT GAG CTG GCC GCG 829  
L P A F L L K N G L Y L L H N N P L P C D C 225  
CTG CCG GCC TTC CTC AAG AAC GGC CTC TAC TTG CAC AAC CCT TTG CCT TGC GAC TGC 889  
R L Y H L L Q R W H Q R G L S A V R D F 245  
CGC CTC TAC CAC CTG CTA CAG CGC TGG CAC CAG CGG GGC CTG AGC GCC GTG CGC GAC TTT 949  
A R E Y V C L A F K V P A S R V R F F Q 265  
GCG CGC GAG TAC GTA TGC TTG GCC TTC AAG GTA CCC GCG TCC CGC GTG CGC TTC TTC CAG 1009  
H S R V F E N C S S A P A L G L K R P E 285  
CAC AGC CGC GTC TTT GAG AAC TGC TCG TCG GCC CCA GCT CTT GGC CTA AAG CGG CCG GAA 1069

Fig. 1B

E	H	L	Y	A	L	V	G	R	S	L	R	L	Y	C	N	T	S	V	P	305
GAG	CAC	CTG	TAC	GCG	CTG	GTG	GGT	CGG	TCC	CTG	AGG	CTT	TAC	TGC	AAC	ACC	AGC	GTC	CCG	1129
A	M	R	I	A	W	V	S	P	Q	Q	E	L	L	R	A	P	G	S	R	325
GCC	ATG	CGC	ATT	GCC	TGG	GTT	TCG	CCG	CAG	CAG	GAG	CTT	CTC	AGG	GCG	CCA	GGA	TCC	CGC	1189
D	G	S	I	A	V	L	A	D	G	S	L	A	I	G	N	V	Q	E	Q	345
GAT	GGC	AGC	ATC	GCG	GTG	CTG	GCC	GAC	GGC	AGC	TTG	GCC	ATA	GGC	AAC	GTA	CAG	GAG	CAG	1249
H	A	G	L	F	V	C	L	A	T	G	P	R	L	H	H	N	Q	T	H	365
CAT	GCG	GGA	CTC	TTC	GTG	TGC	CTG	GCC	ACT	GGG	CCC	CGC	CTG	CAC	CAC	AAC	CAG	ACG	CAC	1309
E	Y	N	V	S	V	H	F	P	R	P	E	P	E	A	F	N	T	G	F	385
GAG	TAC	AAC	GTG	AGC	GTG	CAC	TTT	CCG	CGC	CCA	GAG	CCC	GAG	GCT	TTC	AAC	ACA	GGC	TTC	1369
T	T	L	L	G	C	A	V	G	L	V	L	V	L	L	Y	L	F	A	P	405
ACC	ACA	CTG	CTG	GGC	TGT	GCC	GTG	GGC	CTT	GTG	CTC	GTG	CTG	CTC	TAC	CTG	TTC	GCC	CCA	1429
P	C	R	C	C	R	R	A	C	P	L	P	P	L	A	P	N	T	Q	P	425
CCC	TGC	CGC	TGC	TGC	CGC	CGT	GCC	TGC	CCG	CTG	CCG	CTG	CTG	GCC	CCA	AAC	ACC	CAG	CCC	1489
A	P	R	A	E	P	H	K	S	S	V	L	S	T	T	P	P	D	A	P	445
GCT	CCA	AGA	GCT	GAG	CCG	CAC	AAG	TCC	TCA	GTA	CTC	AGC	ACC	ACA	CCG	CCA	GAC	GCA	CCC	1549

Fig. 1C

S	P	Q	G	Q	A	S	T	S	T	*		
AGC	CCG	CAA	GGC	CAA	GGC	TCC	ACA	AGC	ACG	TAG	456	
											1582	
TC	TT	TC	TG	AG	CC	AG	GG	CC	CT	CA	AT	1661
CT	GG	AG	CC	CT	GA	AG	CT	GG	CT	CC	AT	1740
CAG	GG	CT	CCCC	AC	CC	AG	GG	CT	CT	TT	GT	1819
GG	TG	GA	AG	CA	CT	GT	GC	CT	AT	GG	CC	1898
GAC	AG	GG	TT	GT	GT	CCCC	AA	CC	CT	GC	AC	1977
CT	AG	TT	CC	CT	GT	AG	TC	CC	CA	AA	AT	2056
AC	AC	AG	CA	AG	CT	GT	GA	AG	CC	CT	GT	2135
TC	AG	GG	CT	AG	GC	AG	TT	GT	GT	CA	AG	2214
GG	AG	TG	GG	CC	CA	AG	GA	AG	AT	CT	GA	2293
CC	GG	CC	CT	GT	GA	AA	AT	GG	AA	CT	CC	2372
GG	TG	CA	GG	CA	AA	AG	GT	TC	CT	CA	AG	2451

Fig. 1D

TCTCTGGCCTGGGGCATCCACCCGTTGTTCTGAAGGCAGAGCCCATTTCTGTGGGCTCACAAAGACACAGTGAAGGGGATC 2530  
ATGGCCTGCACCCCTGCTTTTCAGCAGTAAAAAGCCCGAAAAAGCCTGGCGAGCATGGCCGAGCTGGGAGGGCCGAGCCG 2609  
GAACTCCACGTCCCTCGAGAGCAGGAGCCTCTTAAGGGCTGGCACTGGTCTCAGCCCTAATGGCTGAGGCGGTACCCCTGG 2688  
CTTCATATGCATCTCACTGCTCCCACTGCAGGGGGCAGGGAAGGGGGTCTGGGAGCCCTTCATGTGTGGGGGCCGAG 2767  
CTGGGGCCCCCATGGCCATCCTGGACCTCGCTGCTCCAGAGTTAATAAAGGTAGCACATGCTTATTGCTAGAAAAAA 2846  
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGCGGCCCGC 2895

Fig. 1E



**Fig. 1G**

```

270      280      290      300      310      320
H SRVFENCSSA-PALGLKRPEEHLYALVGRSL-----RLYCNTSV-PAMRIAWVSPQOELLRAPGSRDGS I
. . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P DITASGCRDLCRVLQAKETLKL-SLAGNKLGDGARGLLCESLLQPGCQLESILWKSCSLTAACQHVSL
270      280      290      300      310      320      330

330      340      350      360      370      380      390
H AVLADGSLAIGNVQEQHAGLFVCLATGPRLLHHNQTHEYNVSVHFPRPEPEAFNTGFTLLGCAVGLVLVL
. . . . . : : : : : : : : : : . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P MLTQNKHL-----LELQLSSNKLGDSGIQELCQALSQPGTTLRVLCIGDCEVTNSGCSSLAS--LLIANRS
340      350      360      370      380      390

400      410      420      430      440      450
H LYLFAPPCRRACPLPPLAPNTQPAPRAEPHK-SSVLSTTPPDAPSPQGQASTS-----T
: . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P IRELDLSNNCVGDPGVLLQSLGSLQPGGCALEQLVLYDTYWTFEEVEDRLQALEGSKPGLRVIS
400      410      420      430      440      450

```

Fig. 1H

cgg ttt ctg ttt aac cac ttg cac ggt ctg ggg tta acc cgc ctg cgg 48  
 Pro Phe Leu Phe Asn His Leu His Gly Leu Thr Arg Leu Arg 15  
 1 5 10  
 act ctg gac ctg tcc tcc aac tgg ctg aaa cat atc tcc atc cct gag 96  
 Thr Leu Asp Leu Ser Ser Ser Asn Trp Leu Lys His Ile Ser Ile Pro Glu 30  
 20 25  
 ttg gct gca ctg cca act tat ctg aag aac agg ctg tac ctg cac aac 144  
 Leu Ala Ala Leu Pro Thr Tyr Leu Lys Asn Arg Leu Tyr Leu His Asn 45  
 35 40  
 aac ccg ctg ccc tgt gac tgc agc ctg tac cac ctg ctc cgg cgc tgg 192  
 Asn Pro Leu Pro Cys Asp Cys Ser Leu Tyr His Leu Leu Arg Arg Trp 55  
 50 60  
 cac cag cgg ggc ctg agt gcc ctg cat gat ttt gaa cgc gag tac aca 240  
 His Gln Arg Gly Leu Ser Ala Leu His Asp Phe Glu Arg Glu Tyr Thr 75  
 65 70 80  
 tgc ttg gtc ttt aag gtg tca gag tcc cga gtg cgc ttt ttg gag cac 288  
 Cys Leu Val Phe Lys Val Ser Glu Ser Arg Val Arg Phe Phe Glu His 85  
 90 95  
 agc cgg gtc ttc aag aac tgc tct gtg gct gca gct cca ggc tta gag 336  
 Ser Arg Val Phe Lys Asn Cys Ser Val Ala Ala Ala Pro Gly Leu Glu 100  
 105 110

Fig. 11

ctg cct gaa gag cag ctg cac gcg cag gcg cag gtc ggc cag tcc ctg agg ctc 384  
 Leu Pro 115 Glu Glu His Ala Gln Val Gly Gln Ser Leu Arg Leu 125  
 130  
 ttc tgc aac acc agt gtg cct gcc act cgg gtg gcc tgg gtc tcc ccg 432  
 Phe Cys Asn Thr Ser Val Pro Ala Thr Arg Val Ala Trp Val Ser Pro 140  
 135  
 aag aat gag ctg ctt gtg gcg cca gcc tct cag gat ggt agc atc gct 480  
 Lys Asn Glu Leu Leu Val Ala Pro Ala Ser Gln Asp Gly Ser Ile Ala 160  
 145 150  
 gtg ttg gct gat ggc agc tta gcc ata ggc agg gtg caa gag cag cac 528  
 Val Leu Ala Asp Gly Ser Leu Ala Ile Gly Arg Val Gln Glu Gln His 175  
 165 170  
 gca ggc gtc ttt gtg tgc ctg gcc agt ggg ccc cgc ctg cac cac aac 576  
 Ala Gly Val Phe Val Cys Leu Ala Ser Gly Pro Arg Leu His His Asn 190  
 180  
 cag aca ctt gag tac aat gtg agt gtg caa aag gct cgc ccc gag cca 624  
 Gln Thr Leu Glu Tyr Asn Val Ser Val Gln Lys Ala Arg Pro Glu Pro 205  
 195 200  
 gag act ttc aac aca ggc ttt acc acc ctg ctg ggc tgt att gtg ggc 672  
 Glu Thr Phe Asn Thr Gly Phe Thr Thr Leu Leu Gly Cys Ile Val Gly 215  
 210 220

Fig. 1J

ctg gtg ctg gtg gtg ctg tac ttg ttt gca cca ccc tgt cgt ggc tgc	720
Leu Val Leu Leu Val Leu Leu Tyr Leu Leu Phe Ala Pro Pro Cys Arg Gly Cys	
225 230 235	
tgt cac tgc tgt cag cgg gcc ggc tgc cgc aac cgt tgc tgg ccc cgg gca	768
Cys His Cys Cys Gln Arg Ala Cys Arg Cys Asn Arg Cys Trp Pro Arg Ala	
245 250 255	
tcc agt cca ctc cag gag ctg agc gca cag tcc tcc atg ctt agc act	816
Ser Ser Pro Leu Leu Gln Glu Leu Ser Ala Gln Ser Ser Met Leu Ser Thr	
260 265 270	
acg cca cca gat gca ccc agc cgc aag gcc agt gtc cac aag cat gtg	864
Thr Pro Pro Asp Ala Pro Ser Arg Lys Ala Ser Val His Lys His Val	
275 280 285	
gtc ttc ctg gag ccg ggc aag aag ggc ctc aat ggc cgt gtg cag ctc	912
Val Phe Leu Glu Pro Gly Lys Lys Gly Leu Asn Gly Arg Val Gln Leu	
290 295 300	
gca gta cct cca gac tcc gat ctg tgc aac ccc atg ggc ttg caa ctc	960
Ala Val Pro Pro Asp Ser Asp Leu Cys Asn Pro Met Gly Leu Gln Leu	
305 310 315 320	
aa	962

Fig. 1K

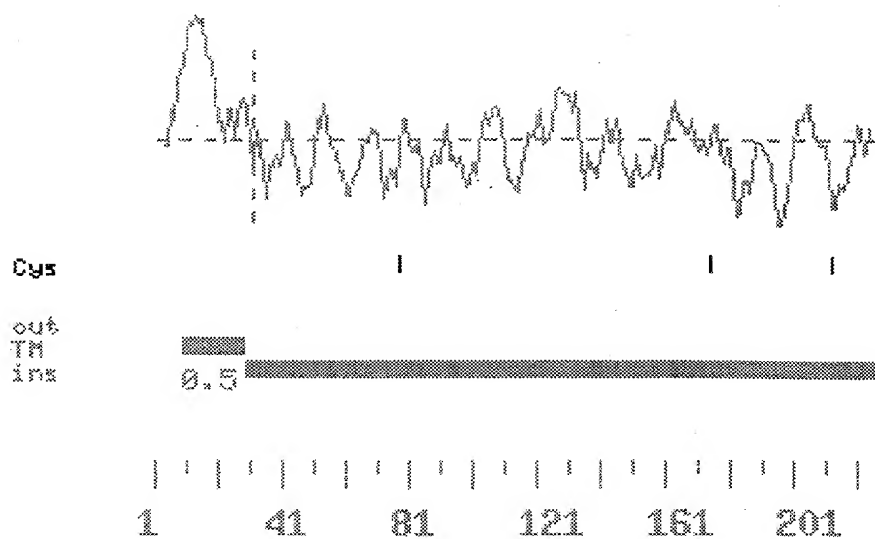


Fig. 1L

```

M 1 .....PFLFNHLHGLGLTRLRLTLDLSSNWLKHISI 30
H 151 HAFHGLRALSHLYLGCNELASFSDHLHGLSATHLLTLDLSSNRLGHISV 200

M 31 PELAALPTYLKNRLYLHNNPLPCDCSLYHLLRRWHQGLSALHDFEREYT 80
H 201 PELAALPAFLKNGLYLHNNPLPCDCRLYHLLQRWHQGLSAVRDFAREYV 250

M 81 CLVFKVSESRVFFEHRSRVFKNCVSAAAPGLELPEEQHQAQVQOSLRLLFC 130
H 251 CLAFKVPASRVRFQHSRVFENCSSAPALGLKRPEEHLYALVGRSLRLYC 300

M 131 NTSVPATRVAVWSPKNELLVAPASQDGSIAVLADGSLAIGRVQEQHAGVF 180
H 301 NTSVPAMRIAWVSPQQLRAPGSRDGSIAVLADGSLAIGNVQEQHAGLF 350

M 181 VCLASGPRLHNNQTL EYNVSVQKARPEPETFTTLLGCIVGLVLVLL 230
H 351 VCLATGPRLHNNQTHEYNVSVHFPRPEPEAFNTGFTTLLGCAVGLVLVLL 400

M 231 YLFAPPCRGCHCCQACRNRCWPRASSPLQELSA.QSSMLSTTPPDAPS 279
H 401 YLFAPPCR....CCRRACPLPPLAPNTQAPAPRAEPHKSSVLSTTPPDAPS 446

M 280 RKASVHKHVVFLEPGKKGLNGRVQLAVPPDSDL CNP MGLQL 320
H 447 PQGQASTST..... 455

```

Fig. 1M

GTCGACCCACGGTCCGGCGAACCCAGCGTCCGGCGAC	ATG	GCC	TGG	ACC	AAG	TAC	CAG	CTG	TTC	CTG	L	F	L	10
														69
A	G	L	M	L	V	T	G	S	I	N	T	L	S	30
GCC	GGG	CTC	ATG	CTT	GTT	ACC	GGC	TCC	ATC	AAC	ACG	CTC	TGG	129
F	M	A	E	G	C	G	G	S	K	E	H	S	F	50
TTC	ATG	GCC	GAG	GGC	TGT	GGA	GGG	AGC	AAG	GAG	CAC	AGC	TTC	189
A	V	G	M	F	L	G	E	F	S	C	L	A	A	70
GCA	GTG	GGC	ATG	TTC	CTG	GGA	GAA	TTC	TCC	TGC	CTG	GCT	GCC	249
R	A	A	G	Q	S	D	S	S	V	D	P	Q	Q	90
AGA	GCT	GCA	GGG	CAA	TCA	GAC	TCC	AGC	GTA	GAC	CCC	CAG	CAG	309
F	L	P	P	A	L	C	D	M	T	G	T	S	L	110
TTC	CTG	CCC	CCA	GCG	CTC	TGT	GAC	ATG	ACA	GGG	ACC	AGC	CTC	369
M	T	S	A	S	S	F	Q	M	L	R	G	A	V	130
ATG	ACC	AGT	GCC	TCC	AGC	TTC	CAG	ATG	CTG	CGG	GGT	GCA	GTG	429
F	S	V	A	F	L	G	R	R	L	V	L	S	Q	150
TTC	TCG	GTG	GCC	TTC	CTG	GGC	CGG	AGG	CTG	GTG	CTG	AGC	CAG	489

Fig. 2A

T	I	A	G	L	V	V	G	L	A	D	L	L	S	K	H	D	S	Q	170	
ACC	ATC	GCG	GGG	CTG	GTG	GTC	GTG	GGC	CTG	GCT	GAC	CTC	CTG	AGC	AAG	CAC	GAC	AGT	CAG	549
H	K	L	S	E	V	I	T	G	D	L	L	I	I	M	A	Q	I	I	V	190
CAC	AAG	CTC	AGC	GAA	GTG	ATC	ACA	GGG	GAC	CTG	TTG	ATC	ATC	ATG	GCC	CAG	ATC	ATC	GTT	609
A	I	Q	M	V	L	E	E	K	F	V	Y	K	H	N	V	H	P	L	R	210
GCC	ATC	CAG	ATG	GTG	CTA	GAG	GAG	AAG	TTC	GTC	TAC	AAA	CAC	AAT	GTG	CAC	CCA	CTG	CGG	669
A	V	G	T	E	G	L	F	G	F	V	I	L	S	L	L	L	V	P	M	230
GCA	GTT	GGC	ACT	GAG	GGC	CTC	TTT	GGC	TTT	GTG	ATC	CTC	TCC	CTG	CTG	CTG	GTG	CCC	ATG	729
Y	Y	I	P	A	G	S	F	S	G	N	P	R	G	T	L	E	D	A	L	250
TAC	TAC	ATC	CCC	GCC	GGC	TCC	TTC	AGC	GGA	AAC	CCT	CGT	GGG	ACA	CTG	GAG	GAT	GCA	TTG	789
D	A	F	C	Q	V	G	Q	Q	P	L	I	A	V	A	L	L	G	N	I	270
GAC	GCC	TTC	TGC	CAG	GTG	GGC	CAG	CAG	CCG	CTC	ATT	GCC	GTG	GCA	CTG	CTG	GGC	AAC	ATC	849
S	S	I	A	F	F	N	F	A	G	I	S	V	T	K	E	L	S	A	T	290
AGC	AGC	ATT	GCC	TTC	TTC	AAC	TTC	GCA	GGC	ATC	AGC	GTC	ACC	AAG	GAA	CTG	AGC	GCC	ACC	909
T	R	M	V	L	D	S	L	R	T	V	V	I	W	A	L	S	L	A	L	310
ACC	CGC	ATG	GTG	TTG	GAC	AGC	TTG	CGC	ACC	GTT	GTC	ATC	TGG	GCA	CTG	AGC	CTG	GCA	CTG	969

Fig. 2B

G W E A F H A L Q I L G F L I L L I G T 330  
 GGC TGG GAG GCC TTC CAT GCA CTG CAG ATC CTT GGC TTC CTC ATA CTC CTT ATA GGC ACT 1029  
  
 A L Y N G L H R P L L G R L S R G R P L 350  
 GCC CTC TAC AAT GGG CTA CAC CGT CCG CTG CTG GGC CGC CTG TCC AGG GGC CGG CCC CTG 1089  
  
 A E E S E Q E R L L G G T R T P I N D A 370  
 GCA GAG GAG AGC GAG CAG GAG AGA CTG CTG GGT GGC ACC CGC ACT CCC ATC AAT GAT GCC 1149  
  
 S \* 372  
 AGC TGA 1155  
  
 GGTTCCTGGAGGCTTCTACTGCCACCCGGGTGCTCCTTCTCCTGAGACTGAGGCCACACAGGCTGGTGGCCCCGAA 1234  
 TGCCCTATCCCCAAGGCTCACCCTGTCCCCCTCCCTGCAGAACCCCCAGGGCAGCTGCTGCCACAGAGATAACAACAC 1313  
 CCAAGTCCTCTTTTCTCACTACCACCTGCAGGGTGGTGTACCCAGCCCCCACAAAGCCTGAGTGCAGTGGCAGACCTC 1392  
 AGCTCTCTGGACCCCTCCTACAGCACTAGAGCTAAATCATGAAGTTGAATTGTAGGAATTTACCACCGTAGTGTATCTG 1471  
 AATCATAAACTAGATTATCATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGCGGCCGC 1518

Fig. 2C

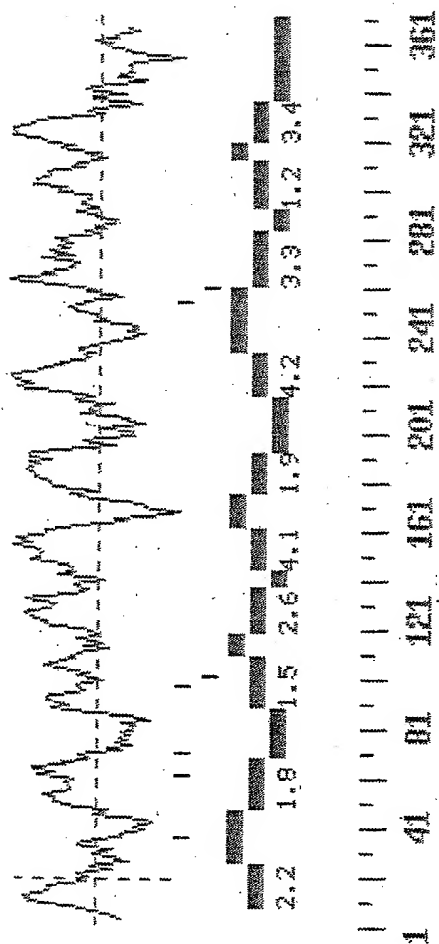


Fig. 2D

	M	A	P	H	W	
GTCGACCCACGCGTCCGGGACAGCTGGCCTGAAGCTCAGAGCCGGGCGTGCGCC	ATG	GCC	CCA	CAC	TGG	5
						72
A V W L L A A R L W G L G I G A E V W W						25
GCT GTC TGG CTG CTG GCA AGG CTG TGG GGC CTG GGC ATT GGG GCT GAG GTG TGG TGG						132
N L V P R K T V S S G E L A T V V R R F						45
AAC CTT GTG CCG CGT AAG ACA GTG TCT TCT GGG GAG CTG GCC ACG GTA GTA CGG CGG TTC						192
S Q T G I Q D F L T L T L T E P T G L L						65
TCC CAG ACC GGC ATC CAG GAC TTC CTG ACA CTG ACG CTG ACG GAG CCC ACT GGG CTT CTG						252
Y V G A R E A L F A F S M E A L E L Q G						85
TAC GTG GGC GCC CGA GAG GCC CTG TTT GCC TTC AGC ATG GAG GCC CTG GAG CTG CAA GGA						312
A I S W E A P V E K K T E C I Q K G K N						105
GCG ATC TCC TGG GAG GCC CCC GTG GAG AAG AAG ACT GAG TGT ATC CAG AAA GGG AAG AAC						372
N Q T E C F N F I R F L Q P Y N A S H L						125
AAC CAG ACC GAG TGC TTC AAC TTC ATC CGC TTC CTG CAG CCC TAC AAT GCC TCC CAC CTG						432
Y V C G T Y A F Q P K C T Y V V S A A L						145
TAC GTC TGT GGC ACC TAC GCC TTC CAG CCC AAG TGC ACC TAC GTC GTG AGT GCT GCC CTC						492

Fig. 3A

L P R C P P Q P A L L T L L L W T R G C G 165  
 CTA CCT CGG TGT CCC CAG CCC CCC CAG CTC CTC ACC CTT CTC TGG ACT CGT GGA TGT GGC 552  
  
 P Q S P A L K H L L I T S L S V L R T C 185  
 CCA CAG AGC CCT GCC CTT AAG CAT CTC ATC ACC TCT CTC TCT GTC CTT AGA ACA TGC 612  
  
 S P S L W S M E S L K M G R A S V P M T 205  
 TCA CCT TCA CTT TGG AGC ATG GAG AGT TTG AAG ATG GGA AGG GCA AGT GTC CCT ATG ACC 672  
  
 Q L R A M L A F L W M V S C T R P H S T 225  
 CAG CTA AGG GCC ATG CTG GCC TTC TTG TGG ATG GTG AGC TGT ACT CGG CCA CAC TCA ACA 732  
  
 T S W A R N P L S C V T W G P T P \* 244  
 ACT TCC TGG GCA CGG AAC CCA TTA TCC TGC GTA ACA TGG GGC CCC ACC ACT CCA TGA 789  
  
 AGACAGAGTACCTGGCCCTTTTGGCTCAACGAACCTCACTTTGTAGGCTCTGCCTATGTACCTGAGAGTGTGGCAGCTT 868  
  
 CACGGGGACGACGACAAGGTCTACTTCTTTCAGGGAGCGGGCAGTGGAGTCCGACTGCTATGCCGAGCAGGTGGTG 947  
  
 GCTCGTGTGGCCCGTGTCTGCAAGGGCGATATGGGGGGCGCACGGACCCTGCAGAGGAAGTGGACCACGTTCTCTGAAGG 1026  
  
 CGCGGCTGGCATGCTCTGCCCCGAACTGGCAGCTCTACTTCAACCAGCTGCAGGGCGATGCACACCCCTGCAGGACACCTC 1105

Fig. 3B

CTGGCAACACCACCTTCTTTGGGGTTTTTAAGCACAGTGGGTGACATGTACCTGTGCGCCATCTGTGAGTACCAG 1184  
TTGGAAGAGATCCAGCGGGTGTTTGAGGGCCCCCTATAAGGAGTACCATGAGGAAGCCCCAGAGTGGGACCGCTACACTG 1263  
ACCCTGTACCCAGGCCCTGGTTGTGATGGCTGCCAGCCCCGCCATGCCGGGGCTACCACCTGCTTTTCAGAGGAGCAG 1342  
GGGGCGGGCTGGCTGAAGGCTACCTTGTGGCTGTCGTGGCAGGCCCGTCGGTGACCTTGAGGGCCCCGGCCCCC 1421  
TGGAATAACCTGGGGCTGGTGTGGCTGGCGGTGGTGGCCCTGGGGGCTGTGTGCCCTGGTGTGCTGCTGGTGTCTGTC 1500  
ATTGCGCCGGGGCTGCGGGGAAGAGCTGGAGAAAGGGCCAAAGGCTACTGAGAGGACCTTGGTGTACCCCCCTGGAGCTG 1579  
CCCAAGGAGCCCCACCAGTCCCCCCTTCCGGCCCTGTCCCTGAACCAGATGAGAAACTTTGGGATCCTGTGCGTTACTACT 1658  
ATTGAGATGGCTCCCTTAAGATAGTACCTGGGCATGCCCCGGTGCCAGCCCCGGTGGGGGGCCCCCTTCGCCACCTCCAGG 1737  
CATCCCAGGCCAGCCCTCTGCCCTTCTCCAACTCGGCTTACCTGGGGGTGGGCGGAACTCAAATGCCAATGGTTACGTG 1816  
CGCTTACAACCTAGGAGGGGAGACCGGGGAGGGCTCGGGCACCCCCCTGCCCTGAGCTCGCGGATGAACCTGAGACGCAAAC 1895  
TGCAGCAACGCCAGCCACTGCCCGACTCCAAACCCCGAGGAGTCATCAGTATGAGGGGAACCCCCACCGCGTCGGCGGGA 1974  
AGCGTGGGAGGTGTAGCTCCTACTTTTGACACAGGCACCAGCTACCTCAGGGACATGGCACGGGCACCTGCTGTCTGTG 2053

Fig. 3C

**Fig. 3D**



**Fig. 3F**

**Fig. 3F**

```

360      370      380      390      400      410      420
M QAQWARYTDPVSPRPGSCINNWHRDNGYTSSLELPDNTLNFIKKHPLMEDQVKPRLGRPLLVKKNTNF
H ---WTR---GCGPQ---SPAL---KH---LLI---TSL
160      170

430      440      450      460      470      480      490
M THVVADRVPGLDGATYTVLFIGTGDGWLKAVSLGPWIHMVVEELQVFDQEPVESLVLSQSKKVLFAGRSR
H S-----VLRTCSPSLW-----SMESLKMGRA-----SVPMT
180      190      200

500      510      520      530      540      550      560
M QLVQLSLADCTKYRFCVDCVLARDPYCAWNVNTSRCVATTSGRSGFLVQHVANLDTSKMCNQYGIKKVR
H QLRAM-LA---F---L---WMVSCTRPHSTTS-----
210      220

570      580      590      600      610      620      630
M SIPKNITVVSGETDLVLPCHLSSNLAAHWTFGSQDLPAEQPGSFLYDTGLQALVVMAAQSRHSGPYRCYS
H -----W-----

640      650      660      670      680      690      700
M EEQTRLAESYLVAUVAGSSVTLEARAPLENGLVWLAVVALGAVCLVLLLVLRLRRRLREELEKGA
H -----ARNPLS-----CVT-----
230

```

Fig. 3G

240

038

---

**Fig. 3H**



**Fig. 3J**

```

710      720      730      740      750      760      770
M TCAAGACAGTACCTGGCTTTTGGCTGAATGAACCCCACTTTGTAGCTCTGCTTGTCCCTGAGAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----AGAGCCCTGCCCTTAAGC-----ATCTCCTCATCAC--CTCTCTCTGTCTCC-TTAGA-
560      570      580      590      600

780      790      800      810      820      830      840
M TGTGGGAAGCTTCACGGGAGACGATGACAAGATCTACTTCTTTCAGTGAGCGGCAGTGGAGTATGAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----ACATGCTCACCTTCA-CTT-TG-GAGCA---TGGAGAGTTTGA-
610      620      630      640

850      860      870      880      890      900      910
M TGCTATCCGAGCAGGTGGTGGCTCGTGTGGCGAGAGTCTGTAAGGGTGACATGGGGGAGCACGGACGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----AGATGG-----GAAGGGCAAGTGTC-----C-----CTATGACCCC
650      660      670

920      930      940      950      960      970      980
M TGCAGAAAGAAATGGACGACGTTCCCTGAAGGCTCGGTTGGTGTGCTCAGCCCCCTGACTGGAAGTCTACTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGCTAAGGGCCATGCTGGCCTTCTTGT-GGATGGTGAGCTGTACTCGGCCAC--ACT-----CAACAA
680      690      700      710      720      730

990      1000     1010     1020     1030     1040     1050
M CAACCAGCTGAAGGCGGTGCACACCCCTGCGGGGCGCCTCTTGGCACAACACCACCTTCTTCGGGGTTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CTTCCCTG-----GGCA-----CGGAAC-CCA-TTATC-----CTGCG-----TAA
740      750      760

```

Fig. 3K

```

1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120
M CAAGCGCATGGGCGATATGGACCTGTCTGCAGTTTGTGAGTACCAGTTTGAACAGATCCAGCAAGTGT
::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H CA-----TGGGGC-----CC--C-----ACCA-----C--TCCA-----
770
1130      1140      1150      1160      1170      1180      1190
M TTGAGGGTCCCTACAAGGAGTACAGTGAGCAAGCCAGAGTGGGCCCCGTATACTGACCCGGTACCCAG
::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H -TGAAG-----ACA--GAGTAC-----CTGGCC---TTTGGCTCAACGAACCTCAGTTTGTGTA---GG
790      800      810      820      830
1200      1210      1220      1230      1240      1250      1260
M CCCTCGGCCTGGTTCGTGTATCAACAACCTGGCACCAGACAATGGCTACACCAGTTCCCTGGAACCTGCCG
:      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H C--TCTGCCTA-----TGTA-C-----CTGA-----GAGT-GTGGGCAGCTTCA---CGGGGGACGAC--
840      850      860      870      880
1270      1280      1290      1300      1310      1320      1330
M GACAACACCCCTCAACTTCATCAAGAAGCACCCCTGATGGAGGACCAGGTGAAGCCTCGGTTGGGCCGCC
::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H GACAAGGTCTACTTCTTCTCAGGGAGC-----GGGC--AGTGGAGTC-CGA-----
890      900      910      920
1340      1350      1360      1370      1380      1390      1400
M CCCTACTTGTGAAGAAGAACACTAACTTCACACACGTGGTGGCCGACAGGGTCCAGGGCTTGATGGTGC
::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H --CTGCTA-----TGC--CGAGCAGGTGGTGGC-----TC-----GTGTGGC
930      940      950

```

Fig. 3L

```

1410      1420      1430      1440      1450      1460      1470
M CACCTATACAGTGTGTTTCATTGGTACAGGAGATGGCTGGCTGCTGAAGGCTGTGAGCCCTGGGGCCCTGG
: . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H C--CGTGTCTG-----CAAGGG--C--GATATGGGGGC-----GCA-----C--GGACCCCTG--
960      970      980      990

1480      1490      1500      1510      1520      1530      1540
M ATCCACATGGTGGAGGAACTGCAGGTGTTTGACCAGGAGCCAGTGGAAAGTCTGGTGTCTCAGAGCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----GAGGAA-----GTG----GACCACGTTTCCTG----AAGGC----GCGG----CTG-GCA
1000     1010     1020     1030

1550      1560      1570      1580      1590      1600      1610
M AGAAGGTGCTCTTTGCTGGCTCCCGCTCTCAGCTGGTTCAGCTGTCTCTGGCCGACTGCACAAAGTACCG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----TGCTCT-----GC-CCCGAACT-GGCAG-CTCTACT-TCA---ACCAGCTGCA---GG---CG
1040     1050     1060     1070     1080

1620      1630      1640      1650      1660      1670      1680
M TTTCGTGTAGACTGTGTCTCGCCAGGACCCCTTACTGTGCTGGAATGTCAACACCAGCCGCTGTGTG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ATGC-----ACA---CCCTG--CAGGACACCT-----CCTGGCA---CAACACCACCTTCTTTGGG
1090     1100     1110     1120     1130

1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750
M GCCACCACAGTGGTCGCTCGGGGTCCCTTTCTGGTCCAACATGTGGCGAACTTGGACACTTCAAAGATGT
: . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTTT--TTCAA-----GCACAGTGG-----GGT--GACATGTACCTGTC---GGC-CATCTG---TGA
1140     1150     1160     1170

```

Fig. 3M

```

1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820
M GTAACCAAGTATGGCATTAATAAAGTCAGATCTATTCCCAAGAACAATCACCGTTGTGTCAGGCACAGACCT
::: ::::: :::      :::::      ::: :. : ::: : :::
H GTA-CCAGT-TGG-----AAG--AGATC-----CAGCG--GGTGTGAGG-----
1180      1190      1200      1210

1830      1840      1850      1860      1870      1880      1890
M GGTCCCTACCCCTGCCACCTCTCGTCCAAATTGGCCCATGCCCCACTGGACCTTCGGAAGCCAGGACCTGCCT
:::      :::::      :::::      :::::      ::: :. : ::: : :::
H -----GCC-----CCTATAAGGA--GTACC---ATGA-----GGAAGC-----CCA
1220      1230      1240

1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960
M GCAGAACCAACCTGGCTCCTTTCTTTATGACACGGGACTCCAGGCGCTGGTGGTATGGCCGCACAGTCCC
: : : . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GAAGTGGGACC--GCTAC--ACT---GACCCTGTAC-CCAGGCCCTGGTGTGATGGCTGCCCAGACCCC
1250      1260      1270      1280      1290      1300

1970      1980      1990      2000      2010      2020      2030
M GTCACCTCTGGACCCCTATCGTTGCTATTACAGAGCAGGAGGACAGACTGGCTGCAGAAAGCTACCTTGT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GCCATGCCGGGCCCTACCACTGCTTTTCAGAGGAGCAGGGCGGCTGGCTGCTGAAGGCTACCTTGT
1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370

2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
M TGCTGTCGTGGCCGGCTCGTCGGTGACACTGGAGGCACGGGCTCCCTTGGAACCTGGGGCTCGTGTGG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GGCTGTCGTGGCAGGCCCGTCGGTGACCTTGAGGCCCCGGCCCCCTGGAAAAACCTGGGGCTGGTGTGG
1380      1390      1400      1410      1420      1430      1440

```

Fig. 3N

**Fig. 30**

**Fig. 3P**

```

2800      2810      2820      2830      2840      2850      2860
M ACTTCAGCCTCACAGGAGACA-CACCCCTCCTCT--GTGAATTGAGACATGTGGACCCAGCAGCCAAA
.. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GCACACGCCCTCGCAGAAGGCATCTTCCTCCTCTCTGTGAATCACAGACACGCGGACCCAGCCGCCAAA
2140      2150      2160      2170      2180      2190      2200

2870      2880      2890      2900      2910      2920
M ACTTTGCAAGGAAGAGGTTTCAAGATGTGGCGGTGTTTGTGCAT--ATATGTGTTGGTATGCATGTGGAA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ACTTTTCAAGGCAGAAAGTTTCAAGATGTGTGTTGTCTGTATTTGCACATGTGTTTGTGTGTGTAT
2210      2220      2230      2240      2250      2260      2270

2930      2940      2950      2960      2970      2980      2990
M GAAATGTGTGTGTGTGTG---TGTTGTTGTAACCTTCCCTGTCTCTATCACGTCTTCCCTTGGCCTGG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTGTGTGTGCACGCGCGTGTGCGCGCTTGTGGCATAGCCTTCCCTGTCTGTCAAGTCTTCCCTTGGCCTGG
2280      2290      2300      2310      2320      2330      2340

3000      3010      3020      3030      3040      3050      3060
M GGTCCCTCCCTGGTTGAGTCTTTGGAGCTATGAAGGGAAGGGGTATAGCACTTGTCTCTCCTACCCCC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H G-TCCCTCCCTGGT-GAGTCATTGGAGCTATGAAGGGAAGGGG-TCGTATCACTTGTCTCTCCTACCCCC
2350      2360      2370      2380      2390      2400      2410

3070      3080      3090      3100      3110      3120      3130
M AGCTGTCCCAAGCTTTGGGGCAGTGATGTACATACGGGGAAGGAAGACAGGTGTGTACCCCTTTTG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H A-CTGCCCCGAG-TGTCGGGCAGCGATGTACATATGGAGGTGGGTGGACAGGTGTGTGCCCCCTTCAG
2420      2430      2440      2450      2460      2470      2480

```

Fig. 3Q

**Fig. 3R**

GTCGACCCACGCGTCCGCGGACGCGTGGCGCGCGGGGCCATCCAGACCCCTGCGGAGAGCGGCCGCGAGCGTCGCC	79
GAGGTTTGAGGGCGCCGGAGACCGAGGGCCTGGCGGCCGAAGAACCGCCCCAAGAAGAGCCTCTGCCCCGGGGGCTGC	158
M F T L L V L L	
TGGAACATGTGCGGGGACACAGTTTGTGACAGTTGCCAGACT ATG TTT ACG CTT CTG GTT CTA CTC	228
S Q L P T V T L G F P H C A R G P K A S	28
AGC CAA CTG CCC ACA GTT ACC CTG GGG TTT CCT CAT TGC GCA AGA GGT CCA AAG GCT TCT	288
K H A G E E V F T S K E E A N F F I H R	48
AAG CAT GCG GGA GAA GAA GTG TTT ACA TCA AAA GAA GAA GCA AAC TTT TTC ATA CAT AGA	348
R L L Y N R F D L E L F T P G N L E R E	68
CGC CTT CTG TAT AAT AGA TTT GAT CTG GAG CTC TTC ACT CCC GGC AAC CTA GAA AGA GAG	408
C N E E L C N Y E E A R E I F V D E D K	88
TGC AAT GAA GAA CTT TGC AAT TAT GAG GAA GCC AGA GAG ATT TTT GTG GAT GAA GAT AAA	468
T I A F W Q E Y S A K G P T T K S D G N	108
ACG ATT GCA TTT TGG CAG GAA TAT TCA GCT AAA GGA CCA ACC ACA AAA TCA GAT GGC AAC	528

Fig. 4A



**Fig. 4C**



GTCGACCCAC	GGTCCGCTG	CGTTCTCACC	CCTGGACCAC	CCTGGAGAA	CAGTTGACCG	60
AAGTTTGTTT	GGCAGTTGCT	GCTGGACT	ATG TTT CTG	CTT CTG	GTA CTC	112
	Met	Phe	Leu	Leu	Val Val	Leu
	1				5	
AGC CAG CTG	CCC AGA CTT	ACC CTC	GCG GTT	CCT CAT	ACA AGA	AGC CTA
Ser Gln	Leu Pro	Arg Thr	Leu Ala	Val Pro	His Thr	Arg Ser
	10				20	
AAG AAT TCT	GAA CAT	GCC CCA	GAA GGC	GTC TTT	GCA TCA	AAA GCA
Lys Asn	Ser Glu	His Ala	Pro Glu	Gly Val	Phe Ala	Ser Lys
	25				35	
					40	
GCA AGC ATC	TTT ATG	CAC CGT	CGC CTC	CTA TAC	AAT AGA	TTT GAT
Ala Ser	Ile Phe	Met His	Arg Arg	Leu Leu	Tyr Asn	Arg Phe
	45				50	
					55	
GAA CTC TTC	ACT CCC	GGG AAC	CTG GAG	AGA GAG	TAT GAG	GAG TTC
Glu Leu	Phe Thr	Pro Glu	Leu Asn	Leu Arg	Glu Glu	Glu Phe
	60				65	
					70	
TGT AGT TAT	GAA GAA	GCC AGA	GAG ATC	CTC GGG	GAC AAC	GAA ATG
Cys Ser	Tyr Glu	Glu Ala	Arg Glu	Ile Leu	Gly Asp	Glu Glu
	75				80	
					85	
						Met

Fig. 4E

ATC ACA	TTC	TGG	CGG	GAA	TAT	TCA	GTC	AAA	GGA	CCA	ACC	ACA	AGA	TCA	400
Ile Thr	Phe	Trp	Arg	Glu	Tyr	Ser	Val	Lys	Gly	Pro	Thr	Thr	Arg	Ser	
90					95					100					
GAT GTC	AAC	AAA	GAG	AAA	ATT	GAT	GTT	ATG	GGC	CTT	CTG	ACT	GGC	TTA	448
Asp Val	Asn	Lys	Glu	Lys	Ile	Asp	Val	Met	Gly	Leu	Leu	Thr	Gly	Leu	
105				110					115					120	
ATT GCG	GCT	GGA	GTA	TTC	TTG	GTT	GTT	TTT	GGC	TTA	CTT	GGT	TAC	TAT	496
Ile Ala	Ala	Gly	Val	Phe	Leu	Val	Val	Phe	Gly	Leu	Leu	Gly	Tyr	Tyr	
			125					130					135		
CTG TGT	ATC	ACC	AAG	TGT	AAT	AGG	CAG	CCA	TAT	CAA	GGT	TCT	TCA	GCT	544
Leu Cys	Ile	Thr	Lys	Cys	Asn	Arg	Gln	Pro	Tyr	Gln	Gly	Ser	Ser	Ala	
			140				145					150			
GTC TAC	ACA	AGA	AGG	ACC	AGG	CAC	ACA	CCG	TCC	ATC	ATT	TTC	AGA	ACC	592
Val Tyr	Thr	Arg	Arg	Thr	Arg	His	Thr	Pro	Ser	Ile	Ile	Phe	Arg	Thr	
			155			160					165				
CAT GAG	GAA	GCT	GTC	TTG	TCT	CCA	TCG	TCA	TCC	TCA	GAG	GAC	GCG	GGA	640
His Glu	Glu	Ala	Val	Leu	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Glu	Asp	Ala	Gly	
170					175			180							

Fig. 4F

CTA CCT TCC TAT GAA CAG GCA GTA GCT CTG ACC AGA AAA CAC AGT GTC	688
Leu Pro Ser Tyr Glu Gln Ala Val Ala Leu Thr Arg Lys His Ser Val	200
185	
TCA CCA CCA CCT CCA TAT CCT GGG CCA GCA AAA GGA TTT AGG GTA TTT	736
Ser Pro Pro Pro Tyr Pro Gly Pro Ala Lys Gly Phe Arg Val Phe	215
205	
210	
AAA AAG TCA ATG TCA CTC CCA TCT CAC TAAGCCCACC TTGCCGCCCTT	783
Lys Lys Ser Met Ser Leu Pro Ser His	
220	
225	
GCTGTGGTCT GAATAATATG TTCTTCTCTGA AACAAACAACA ACAAAAAAAT TTGCCTGTTC	843
AGCTTTTAT GACAAAGCAC AAGGAATAAA GGAACACTAT ATACAGAACA GAATTCACCA	903
CAGCCCCGCT TTCAGCTCTG CCCCCAACTG GATTGCTGTC TTGGTAAGAG ACTTCTACCG	963
TGCTTCCTCG AAGTTAAGAA GAAAGTGCCT TTTTGCAATG TAAACTGTAC TGGTTCAAAC	1023
ATTCTTGCTA CAGCTAGGTA CCTATAATCC CCACCTTCAG GAGACTTAGG CGGAGGGAT	1083
GAGAGTTCAA GGCCAGCCTG GGCCCTGTCA GGACGCTGTC TCAAAACAAA GTTTGTTATC	1143
AATAGAAATAA TTAGAAATTAA CAAACTAGGA TTTTCAGTCT TAAGTCATGA TATTGGATCT	1203
TCTCTTCAGT AAGGTTTCTT TTGGGCTAGA AATACTTCAT AGAATTGAC ATTTTGGTAT	1263
ACATCTGTGG CCTTGATACA ATGACTTGAT TTTCTGTTTT AATTAGTGCA GAGGATTCAG	1323
CAAAATTGCA GGTCTTCATT TTGTTCCCTC GCTATCCATC GATCATGTTT CAGTGTATTA	1383
AGAGGAGTCA GCCAGGCGTG GTGGCCACA CCTGTGATCC CAGCACTTAG GGGGGCATAG	1443
GCAGGCAGAT CTCTGTGAGC TGAAGGACAG CCTGGCCTAC AAAGTCCAGG ACAACCGAGA	1503
CCACACAGAG AAACCTTGTC TTGAAAAACA AAACAAAAAC AAGAGAGAGA GAGAGAGAGA	1563

Fig. 4G

GAGAAAAGAG ATGTCAAGAG GTTTTGTGTT TTTTTTTTTT AAATTACTAT TTATGGGCCT 1623  
CACTTGGAAG AGTGCTTGCC ATGCAAAATAG AAGGACAGGA GTTCAATCCT CATTACCCAC 1683  
ATTTGAAACA AATAACAAGA AAAACAACC AAAAACCAC AACAACAAA ATCTTGAGAA 1743  
CTTGAGTGAA TACCGGTAA CTCAGGGCTA GGCACGTGTA CTGAATCAGG AGCCTCCAGA 1803  
TCCAGGGAAA CGCTGTCTCA ACAATAAAT AAATAAGTAA GTCAGTGAGG TGGTCTTTAA 1863  
ACCCAGCACT TGAGAGCCAA AGGCAGGCAG AGCTCAGTGA GTTGAGAGCC AGCCTGGTCT 1923  
ACAAAGCAAG TTCTAAGGA GCCAGGGCAC AGAGAAACCC TGTCTGAAGG AAAAAAAAAA 1983  
AAAAAAAAAG GCGGCCCGC 2002

**Fig. 4H**

**Fig. 4I**

G	248	GGGACAAACGAAAGAAATGATCACATTCTGGCGGGAATAATTCAGTCAAAGGA	297
H	251	TGGATGAAGATAAACGATTGCATTTTGGCAGGAATAATTCAGCTAAAGGA	300
G	298	CCAACCACAAGATCAGATGTCAACAAAGAGAAAAATTGATGTTATGGGCCT	347
H	301	CCAACCACAAAATCAGATGGCAACAGAGAGAAAAATAGATGTTATGGGCCT	350
G	348	TCTGACTGGCTTAATTGCGGCTGGAGTATCTTGGTTGTTTGGCTTAC	397
H	351	TCTGACTGGATTAATTGCTGCTGGAGTATTTTGGTTATTTTGGATTAC	400
G	398	TTGGTTACTATCTGTGTATCACCAAAGTGTAATAGGCAGCCATATCAAGGT	447
H	401	TTGGCTACTATCTTTGTATCACTAAGTGTAATAGGCTACAACATCCATGC	450
G	448	TC TTCAGCTGTCTACACAAGAGGACCAGGCACACACCCGTCCATCATTTT	497
H	451	TC TTCAGCCGTCTATGAAAGGGG...AGGCACACTCCCTCCATCATTTT	497

Fig. 4J



```

G   1 MFLLLVLSQLPRLTLAVPH.TRSLKNSEHAPEGVFASKKAASIFMHRRL 49
    || |||.|||||. || || || || || || |||. |||. |||.
H   1 MFTLLVLSQLPTVTGLGPHCARGPKASKHAGEEVFTSKEEANFFIHRRL 50

G   50 LYNRFDLFTPGNLERECYEEFCSEYEEAREILGDNEEMITFWREYSVKG 99
    ||||| ||||| |||. ||||| |||. |||. |||. |||. |||.
H   51 LYNRFDLFTPGNLERECNEELCNYYEAREIFVDEDKTIAFWQEYSAGK 100

G   100 PTTTSDVNKEKIDVMGLLTGIIAAGVFLVVFGLLGYLGCITKCNRPYQG 149
    |||: ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| :
H   101 PTTKSDGNREKIDVMGLLTGIIAAGVFLVIFGLLGYLGCITKCNRLQHPC 150

G   150 SSAVYTRRRTRHTPSIIFRTHEEAVLSP.SSSSEDAGLPSYEQAVALTRKH 198
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H   151 SSAVY.ERGRHTPSIIFRRPEEAALSPLPPSVEDAGLPSYEQAVALTRKH 199

G   199 SVSPPPPPYPGPAKGFRVFKKSMSLPSH 225
    ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H   200 SVSPPPPPYPGHTKGFRVFKKSMSLPSH 226

```

Fig. 4L

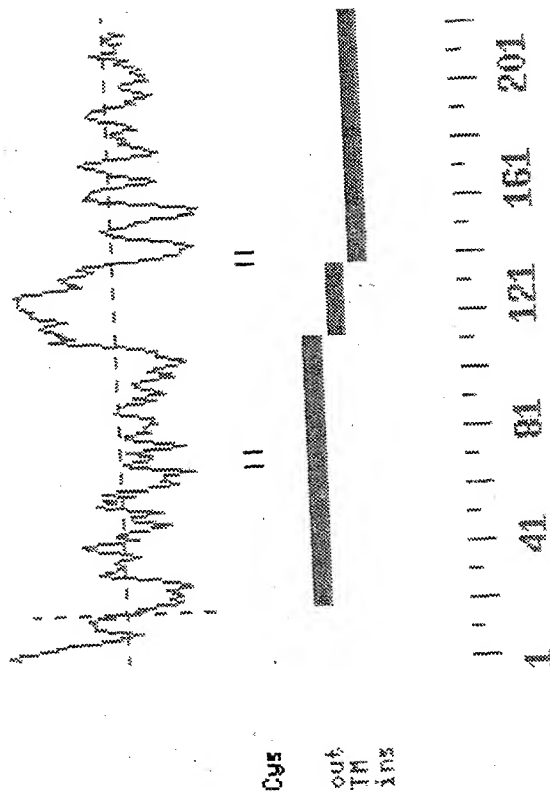


Fig. 4M

GTCGACCCACGCGTCGGAAATGTCGTTCTTCAGATTAAAAAGAAAACCTTTACTGAATCAGCTGAGTGTTAATAA	79
CGAATTTCCTTTTCTTGCCAAATTCGATCTGAACAGAAAATCCAAGAACAGGGAT ATG TGT GGA TTA CAG TTT	152
M C G L Q F	
S L P C L R L F L V V T C Y L L L L L H	26
TCT CTG CCT TGC CTA CGA CTG TTT CTG GTT ACC TGT TAT CTT TTA TTA CTC CAC	212
K E I L G C S S V C Q L C T G R Q I N C	46
AAA GAA ATA CTT GGA TGT TCG TCT GTT TGT CAG CTC TGC ACT GGG AGA CAA ATT AAC TGC	272
R N L G L S S I P K N F P E S T V F L Y	66
CGT AAC TTA GGC CTT TCG AGT ATT CCT AAG AAT TTT CCT GAA AGT ACA GTT TTT CTG TAT	332
L T G N N I S Y I N E S E L T G L H S L	86
CTG ACT GGG AAT AAT ATA TCT TAT ATA AAT GAA AGT GAA TTA ACA GGA CTT CAT TCT CTT	392
V A L Y L D N S N I L Y V Y P K A F V Q	106
GTA GCA TTG TAT TTG GAT AAT TCT AAC ATT CTG TAT GTA TAT CCA AAA GCC TTT GTT CAA	452
L R H L Y F L F L N N N F I K R L D P G	126
TTG AGG CAT CTA TAT TTT CTA AAT AAT AAT TTC ATC AAA CGC TTA GAT CCT GGA	512

49/109

Fig. 5A

I	F	K	G	L	L	N	L	R	N	L	Y	L	Q	Y	N	Q	V	S	F	146
ATA	TTT	AAG	GGA	CTT	TTA	AAT	CTT	CGT	AAT	TTA	TAT	TTA	CAG	TAT	AAT	CAG	GTA	TCT	TTT	572
V	P	R	G	V	F	N	D	L	V	S	V	Q	Y	L	N	L	Q	R	N	166
GTT	CCG	AGA	GGA	GTA	TTT	AAT	GAT	CTA	GTT	TCA	GTT	CAG	TAC	TTA	AAT	CTA	CAA	AGG	AAT	632
R	L	T	V	L	G	S	G	T	F	V	G	M	V	A	L	R	I	L	D	186
CGC	CTC	ACT	GTC	CTT	GGG	AGT	GGT	ACC	TTT	GTT	GGT	ATG	GTT	GCT	CTT	CGG	ATA	CTT	GAT	692
L	S	N	N	I	L	L	R	I	S	E	S	G	F	Q	H	L	E	N	L	206
TTA	TCA	AAC	AAT	AAC	ATT	TTG	AGG	ATA	TCA	GAA	TCA	GGC	TTT	CAA	CAT	CTT	GAA	AAC	CTT	752
A	C	L	Y	L	G	S	N	N	L	T	K	V	P	S	N	A	F	E	V	226
GCT	TGT	TTG	TAT	TTA	GGA	AGT	AAT	AAT	TTA	ACA	AAA	GTA	CCA	TCA	AAT	GCC	TTT	GAA	GTA	812
L	K	S	L	R	R	L	S	L	S	H	N	P	I	E	A	I	Q	P	F	50 / 109
CTT	AAA	AGT	CTT	AGA	AGA	CTT	TCT	TTG	TCT	CAT	AAT	CCT	ATT	GAA	GCA	ATA	CAG	CCC	TTT	246
A	F	K	G	L	A	N	L	E	Y	L	L	L	K	N	S	R	I	R	N	872
GCA	TTT	AAA	GGA	CTT	GCC	AAT	CTG	GAA	TAC	CTC	CTC	CTG	AAA	AAT	TCA	AGA	ATT	AGG	AAT	266
V	T	R	D	G	F	S	G	I	N	N	L	K	H	L	I	L	S	H	N	932
GTT	ACT	AGG	GAT	GGG	TTT	AGT	GGA	ATT	AAT	AAT	CTT	AAA	CAT	TTG	ATC	TTA	AGT	CAT	AAT	286
																				992

Fig. 5B

D L E N L N S D T F S L L K N L I Y L K 306  
GAT TTA GAG AAT TTA AAT TCT GAC ACA TTC AGT TTG TTA AAG AAT TTA ATT TAC CTT AAG 1052  
  
L D R N R I I S I D N D T F E N M G A S 326  
TTA GAT AGA AAC AGA ATA ATT AGC ATT GAT AAT GAT ACA TTT GAA AAT ATG GGA GCA TCT 1112  
  
L K I L L N L S F N N L T A L H P R V L K 346  
TTG AAG ATC CTT AAT CTG TCA TTT AAT AAT CTT ACA GCC TTG CAT CCA AGG GTC CTT AAG 1172  
  
P L S S L I H L Q A N S N P W E C N C K 366  
CCG TTG TCT TCA TTG ATT CAT CTT CAG GCA AAT TCT AAT CCT TGG GAA TGT AAC TGC AAA 1232  
  
L L G L R D W L A S S A I T L N I Y C Q 386  
CTT TTG GGC CTT CGA GAC TGG CTA GCA TCT TCA GCC ATT ACT CTA AAC ATC TAT TGT CAG 1292  
  
N P P S M R G R A L R Y I N I T N C V T 406  
AAT CCC CCA TCC ATG CGT GGC AGA GCA TTA CGT TAT ATT AAC ATT ACA AAT TGT GTT ACA 1352  
  
S S I N V S R A W A V V K S P H I H K 426  
TCT TCA ATA AAT GTA TCC AGA GCT TGG GCT GGT GTA AAA TCT CCT CAT ATT CAT CAC AAG 1412  
  
T T A L M M A W H K V T T N G S P L E N 446  
ACT ACT GCG CTA ATG ATG GCC TGG CAT AAA GTA ACC ACA AAT GGC AGT CCT CTG GAA AAT 1472

51 / 109

Fig. 5C

T	E	T	E	N	I	T	F	W	E	R	I	P	T	S	P	A	G	R	F	466
ACT	GAG	ACT	GAG	AAC	ATT	ACT	TTC	TGG	GAA	CGA	ATT	CCT	ACT	TCA	CCT	GCT	GGT	AGA	TTT	1532
F	Q	E	N	A	F	G	N	P	L	E	T	T	A	V	L	P	V	Q	I	486
TTT	CAA	GAG	AAT	GCC	TTT	GGT	AAT	CCA	TTA	GAG	ACT	ACA	GCA	GTG	TTA	CCT	GTG	CAA	ATA	1592
Q	L	T	T	S	V	T	L	N	L	E	K	N	S	A	L	P	N	D	A	506
CAA	CTT	ACT	ACT	TCT	GTT	ACC	TTG	AAC	TTG	GAA	AAA	AAC	AGT	GCT	CTA	CCG	AAT	GAT	GCT	1652
A	S	M	S	G	K	T	S	L	I	C	T	Q	E	V	E	K	L	N	E	526
GCT	TCA	ATG	TCA	GGG	AAA	ACA	TCT	CTA	ATT	TGT	ACA	CAA	GAA	GTT	GAG	AAG	TTG	AAT	GAG	1712
A	F	D	I	L	L	A	F	F	I	L	A	C	V	L	I	I	F	L	I	546
GCT	TTT	GAC	ATT	TTG	CTA	GCT	TTT	TTC	ATC	TTA	GCT	TGT	GTT	TTA	ATC	ATT	TTT	TTG	ATC	1772
Y	K	V	V	Q	F	K	Q	K	L	K	A	S	E	N	S	R	E	N	R	566
TAC	AAA	GTT	GTT	CAG	TTT	AAA	CAA	AAA	CTA	AAG	GCA	TCA	GAA	AAC	TCA	AGG	GAA	AAT	AGA	1832
L	E	Y	Y	S	F	Y	Q	S	A	R	Y	N	V	T	A	S	I	C	N	586
CTT	GAA	TAC	TAC	AGC	TTT	TAT	CAG	TCA	GCA	AGG	TAT	AAT	GTA	ACT	GCC	TCA	ATT	TGT	AAC	1892
T	S	P	N	S	L	E	S	P	G	L	E	Q	I	R	L	H	K	Q	I	606
ACT	TCC	CCA	AAT	TCT	CTA	GAA	AGT	CCT	GGC	TTG	GAG	CAG	ATT	CGA	CTT	CAT	AAA	CAA	ATT	1952

Fig. 5D

V P E N E A Q V I L F E H S A L \* 623  
GTT CCT GAA AAT GAG GCA CAG GTC ATT CTT TTT GAA CAT TCT GCT TTA TAA 2003  
CTCAACTAAATATTGTCCTATAAGAAACTTCAGTGCCCATGGACATGATTTAAACTGAAACCTCCTTATATAATTATATAC 2082  
TTTAGTTGGAAATATAATGAATTATATAGAGGTAGCATTATTAATAATGTTTTTAATAAAAAAAAAAAAAAAGG 2161  
GCGGCCGC 2169

Fig. 5E

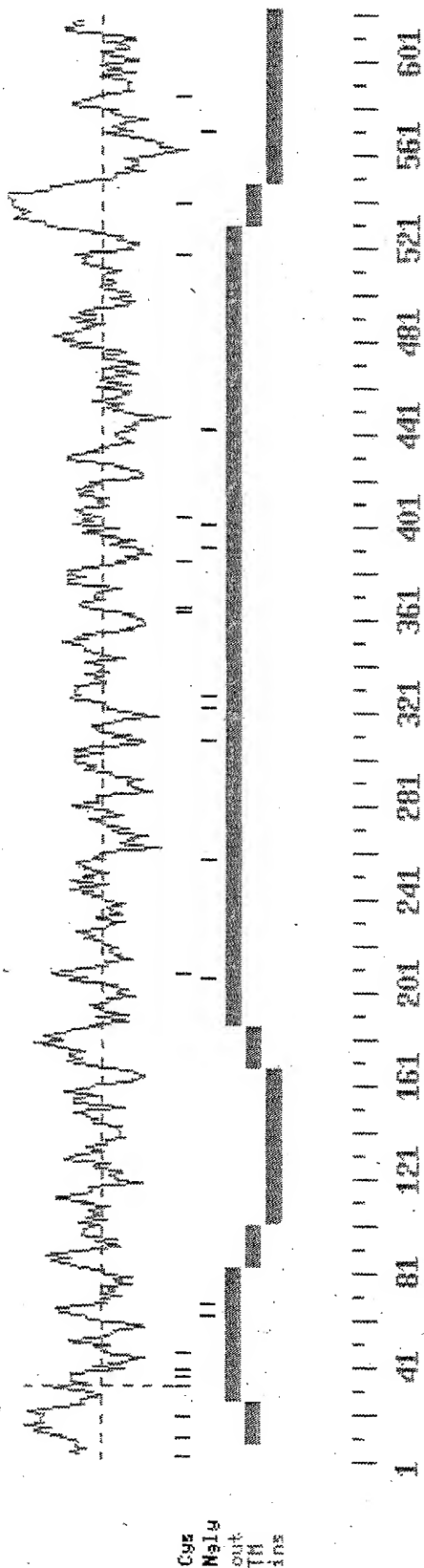


Fig. 5F



```

280      290      300      310      320      330      340
Slit AACTCSNNIVDCRGKGLTEIPTNLPETITEIRLEQNTIKVIPPGAFSPYKKLRRIDLNNQISELAPDAF
325 -----LR-----ISE-----SGFQHLLENLACL-----
      350      360      370      380      390      400      410
Slit QGLRSLNSLVLYGNKITELPKSLFEGFLSLQLLLLNANKINCLRVDAFQDLHNLNLLSLYDNKLQTIAGK
      325 -----LR-----ISE-----SGFQHLLENLACL-----
      420      430      440      450      460      470      480
Slit TFSPLRAIQTMHLAQNPFFICDCHLKWLAADYLHTNPIETSGARCTSPRRLANKRIGQIKSKKFRCSAKEQY
      325 -----LR-----ISE-----SGFQHLLENLACL-----
      490      500      510      520      530      540      550
Slit FIPGTEDYRSKLSGDCFADLACPEKCRCEGTTVDCSNQKLNKIPEHIPQYTAELRLNNEFTVLEATGIF
      325 -----LR-----ISE-----SGFQHLLENLACL-----

```

Fig. 5H

**Fig. 51**

```

840      850      860      870      880      890      900
Slit  GNDISVVEGAFNDLSALSHLAIGANPLYCDCNMQLSDWVKSEYKEPGIARCAGPGEMADKLLLTTPSK
325  -----SSLIHLQANSNPWECNCKLLGLRDWLAS-----
      350      360      370

910      920      930      940      950      960      970
Slit  KFTCQGPVDVNILAKCNPCLSNPCKNDGTCNSDPVDFYRCTCPYGFKGQDCDVPIHACISNPCKHGGTCH
      ... :
325  -----SAITLNI-----Y-----CQNP-----PSMRG-----
      380                                390

980      990      1000     1010     1020     1030     1040
Slit  LKEGEEDGFWCICADGFEGENCEVNVDDCEDNDCENNSTCVDGINNYTCLCPPEYTGELCEEKLDFFCAQD
      ... :
325  -----RALRYI-----NITNCV-----
      400

1050     1060     1070     1080     1090     1100     1110
Slit  LNPCQHDSKCILTPKGFKCDCTPGYVGEHCIDIDFDDCQDNKCKNGAHCTDAVNGYTCICPEGYSGLFCEF
      ... :
325  -----TSSIN-----
      410

```

Fig. 5J

[illegible][illegible][illegible][illegible][illegible]

```

1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
Slit  SCKLEGGVLCDEEEDLFNPCQAICKKHGKCRLSGLGQPYCECSSGYTGDSCDREISCRGERIRDYYQ
      ..      ..      ..      ..      ..      ..      ..      ..      ..      ..
325 AC-----VL-----IIFLIYKVVOFKQ---KLKA-----SENS-----RENRL-EYY-
      540      550      560      570

1470      1480      1490      1500      1510      1520
Slit  KQGYAACQTTK-KVSRLECRGGCAGGCCGGLRKRKRKYSECTDSSSFVDEVEKVVKCGCTRCVS
      ..      ..      ..      ..      ..      ..      ..      ..      ..      ..
325 ---SF--YQSARYNVVTASICNTSPNSLESPPGLEQIRLHK-----QIVPENEAQVI-LFEHSAL
      580      590      600      610      620

```

Fig. 5L

```
10      20      30      40      50      60      70
Slit  CAGAGCAGGTTGGAGAGGGCGTGGGAGCGTGTGCCTGAGTGGGCTCTACTGCCCTTGTTCATATTATT
325  -----

      80      90      100     110     120     130     140
Slit  TTGTGCACATTTTCCCTGGCACTCTGGGTTGCTAGCCCCCGGGCACTGGGCCCTCAGACACTGCGCGGT
325  -----

150     160     170     180     190     200     210
Slit  TCCCTCGGAGCAGCAAGCTAAAGAAAGCCCCCAGTGCCGGCGAGGAAGGAGCGCGGGGAAAGATGCGC
325  -----

220     230     240     250     260     270     280
Slit  GCGGTTGGCTGGCAGATGCTGTCCCTGTCCGCTGGGTTAGTGCTGGCGATCCTGAACAAGGTGGCACCCGC
      ::::
325  -----GTCG-----ACCC-----
```

Fig. 5Mi

290 300 310 320 330 340 350  
 Slit AGCGTGCCCGGCAGTGCTCTTGCTCGGCAGCACAGTGGACTGTACGGGCTGGCGCTGCGCAGCGT  
 325 -----CAGC-----CGT  
 10

360 370 380 390 400 410 420  
 Slit GCCCAGGAATATCCCCGCAACACCGAGAGACTGGATTAAATGGAAATAACATCACAGAATTACGAAG  
 :.:.:.:.:.:  
 325 --CCGGAATGTC-----  
 20

430 440 450 460 470 480 490  
 Slit ACAGATTTTGCTGGTCTTAGACATCTAAGAGTTCTTCAGCTTATGGAGAATAAGATTAGCACCATTTGAAA  
 :.:.:.:.:.:  
 325 -----GTTCTTCAGATTAAAGAAAA-----CCTTTA-----  
 30 40 50

500 510 520 530 540 550 560  
 Slit GAGGAGCATTCAGGATCTTAAAGAACTAGAGAGACTGCGTTTAAACAGAAATCACCTTCAGCTGTTTCC  
 :.:.:.:.:.:  
 325 -----CTGAATC-----AGCT-GAGTG-----TTAAT-----AATACG-----AATTTC  
 60 70 80

Fig. 5Mii

```

570      580      590      600      610      620      630
Slit  TGAGTTGCTGTTTCTTGGGACTGCCAAGCTATACAGGCTTGATCTCAGTGAACCAAAATTCAGGCAATC
      :      :      :      :      :      :      :
325  T-----TTTCTTG--C--CAATTCTGATCTGA-----ACAGA-AAATCCAAGAACAGG-----
      90      100      110      120      130

640      650      660      670      680      690      700
Slit  CCAAGGAAAGCTTTCGGTGGGCAGTTGACATAAAAAATTGCAACTGGATTACAACCAGATCAGCTGTA
      :      :      :      :      :      :      :
325  -----GATATGTG-----TGGATTACA-----GTT
      140      150

710      720      730      740      750      760      770
Slit  TTGAAGATGGGGCATTCAGGGCTCTCCGGGACCTGGAAGTGCTCACTCTCAACAATAACAACATTACTAG
      :      :      :      :      :      :      :
325  TT-----CTCT-----GCCT-----TGC-----CTACGA-----
      160      170

780      790      800      810      820      830      840
Slit  ACTTCTGTGGCAAGTTTCAACCATAATGCCCTAAACTTAGGACTTTTCGACTGCATTCAAAACACCTGTAT
      :      :      :      :      :      :      :
325  -----CTGTTTCTGGTTGTTACCTGTTA-----TCTTTT-----AT
      180      190      200

```

Fig. 5Miii

```

850      860      870      880      890      900      910
Slit  TGTGACTGCCACCTGGCCTGGCTCTCCGACTGGCTTCGCCAAAGGCCTCGGGTTGGTCTGTACACTCAGT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  TATTACT-CCACAAAG-----AAATAC-----TTGGA-TGTTTCG-TC--T
      210      220      230

920      930      940      950      960      970      980
Slit  GTATGGCCCCCTCCACCTGAGAGGCCATAATGTAGCCGAGGTTCAAACGAGAAATTTGTCTGCAGTGG
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  GTTTG-----TC-----AGC-----TCTGCACITGG
      240      250

990      1000     1010     1020     1030     1040     1050
Slit  TCACCAGTCATTATGGCTCCTTCTTGTAGTGTTTTGCACTGCCCTGCCGCTGTACCTGTAGCAACAAT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  G-----AGACAAATTA-----ACTGCC-----GTAACCTTAGGC-----
      260      270      280

1060     1070     1080     1090     1100     1110     1120
Slit  ATCGTAGACTGTCTGGGAAAGGTCTCACTGAGATCCCCACAAATCTCCAGAGACCATCACAGAAATAC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  -----CTTTCGAG-----TATTC-----CTAAGA-----ATTTTCCTGAAA--GT-ACAGTTTTC
      290      300      310      320

```

Fig. 5Miv

```

1130      1140      1150      1160      1170      1180      1190
Slit GTTTGGAACAGAACACAATCAAAGTCATCCCTCTGGAGCTTTCTCACCATAATAAAAGCTTAGACGAAT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 ---TGTATCTGA-----CTGGGAATAATATATCTTATATATAAATGAAAGT-GAAT
      330      340      350      360      370

1200      1210      1220      1230      1240      1250      1260
Slit TGACCTGAGCAATAATCAGATCTCTGAACTTGCACCAGATGCTTTCCAAGGACTACGCTCTCTGAATTCA
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 TAAC-----AGGACTTC-----ATTCT
      380

1270      1280      1290      1300      1310      1320      1330
Slit CTTGTCTCTATGGAAATAAAATCACAGAACTCCCCAAAAGTTTATTGAAGGACTGTTTTCCTTACAGC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 CTTGT-----AGC-----ATTGTATTGGA-----TAATTCTAACA--
      390      400      410      420

1340      1350      1360      1370      1380      1390      1400
Slit TCCTATTATTGAATGCCAACACAAGATAAACTGCCCTTCGGGTAGATGCTTTTCAGGATCTCCACAACCTTGAA
      : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
TTCTGTATGTATAT-CCAAAA-----GCCTTTG-----TTCAATTGAGG-----CATCTATAT
      430      440      450      460

```

Fig. 5Mv

490

530

5

095

**Fig. 5Mvi**

009

620

055

570

**Fig. 5Mvii**

```

1970      1980      1990      2000      2010      2020      2030
Slit AAATACTTCTTACGAGTAATCGTTTGGAAAAATGTCAGCATAAGATGTTCAAGGGATTGGAAAGCCTCAA
      :::::      :: :::::
325 --ATACTT-----GATTATC-----A
      690

2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
Slit AACTTTGATGTTGAGAAGCAATCGAATAACCTGTGTGGGAATGACAGTTTCATAGGACTCAGTCTCTGTG
      :::      :::::      :: :::::
325 AAC-----ATAAC--ATTTGAGGATATCAGAATCAG-----
      700      710      720

2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170
Slit CGTTTGCTTTCTTTGTATGATAATCAAAATTACTACAGTTGCACCAGGGCAATTTGATACTCTCCATTCTT
      :::::
325 -----GCTTTC-----
      730

2180      2190      2200      2210      2220      2230      2240
Slit TATCTACTCTAAACCTCTTGGCCAAATCCTTTTAACTGTAACTGCTACCTGGCTTGGTTGGGAGAGTGGCT
      :: :::::      :::::
325 -----AACATCTTGA--AAACCTT-----GCTTGTGTTGTAT-----T
      740      750      760

```

Fig. 5Mviii

2250 2260 2270 2280 2290 2300 2310  
 Slit GAGAAAGAGAGAAATGTCACGGGAAATCCTAGATGTCAAAAACCATACTTCTTGAAAGAAATACCCATC  
 :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::  
 325 TAGGAAGTAATAATTTA--ACAAAAGTACC-----ATCAAAATGCCTTT-----GAAGTAC-----  
 770 780 790 800 810

2320 2330 2340 2350 2360 2370 2380  
 Slit CAGGATGTGGCCATTTCAGGACTTCACCTTGATGACGGGAAATGATGACAATAGTTGCTCCCCACTTTCCTC  
 :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::  
 325 -----TTAAAAGTCTT-----AGAAGACTTT-----CTTTGTCTC  
 820 830 840

2390 2400 2410 2420 2430 2440 2450  
 Slit GCTGTCCCTACTGAATGTACTTTGGATACAGTCGTCCGATGTAGCAACAAGGTTTGAAGGCTTTGCC  
 . :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::  
 325 ATAATCCTATTGAA-----GCA---ATACAG-C--CCTTTG---CA-----TTTAAAGGACTTGCC  
 850 860 870 880 890

2460 2470 2480 2490 2500 2510 2520  
 Slit GAAAGGTATCCAGAGATGTCACAGAGTTGTATCTGGATGGAACCAATTACACTGGTTCCCAAGGAA  
 .: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::  
 325 AA-----TCTGGA---ATACC-----TCC-----  
 900

Fig. 5Mix

```

2740      GGTGCTTCAATGATCTTTCTGCATTTATCACATCTAGCAATTGGAGCCAAACCCTCTTTACTGTGATTGTA
Slit      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
325 G----TTAGATAGAA---ACAGAAATAAT-----TAGCATT-----GATAATGAT
          1060      1070      1080

```

**Fig. 5Mx**

```

2810      2820      2830      2840      2850      2860      2870
Slit ACATGCAGTGGTTATCCGACTGGGTGAAGTCGGAATATAAGGAGCCTGGAATTGCTCGTTGTGTGGTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ACAT-----TTGAAAAATATGGGAGCAT-----CTTTGAA--GATCC
1090      1100      1110      1120

2880      2890      2900      2910      2920      2930      2940
Slit TGGAGAAATGGCAGATAAACTTTTACTCACAACCTCCCTCCAAAAAATTACCTGTCAAGGTCCTGTGGAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----TAATCTGTCAT-----
      1130

2950      2960      2970      2980      2990      3000      3010
Slit GTCAATATTCTAGCTAAGTGTAACCCCTGCCTATCAAATCCGTGTAAAAAATGATGGCACATGTAATAGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -TTAATAATCTTACA-----GCCTTGC--ATCCAAG-----G
1140      1150      1160

3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080
Slit ATCCAGTTGACTTTTACCGATGCACCTGTCCATATGGTTTCAAGGGCAGGACTGTGATGTCCCAATTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 GTCC-----TTAAGCCGT-----TGTC-----TTCATTG-----ATTCA
1170      1180      1190

```

Fig. 5Mxi

```

3090      3100      3110      3120      3130      3140      3150
Slit  TGCCTGCATCAGTAACCCATGTAAACATGGAGAACTTGCCACTTAAAGGAGAGAGATGGATTTC
:      :      :      :      :      :      :
325 T-----CTTCAGG-----CAAATT-----CTAATC-CTT-----GGGAATGTAAGTGCAGAAC
1200      1210      1220      1230

3160      3170      3180      3190      3200      3210      3220
Slit  TGGTGATTTGTGCTGATGGATTGGAAGGAGAAAAATTGTGAAGTCAACGTTGATGATTGTGAAGATAATG
:      :      :      :      :      :      :
325 T-----TTTGGGC-----CTTCGA-----CTTCGA-----CTTCGA-----G
1240

3230      3240      3250      3260      3270      3280      3290
Slit  ACTGTGAAAAATAATTCTACATGTGTGCGATGGCATTAAATACTACACATGCCCTTTGCCACCTGAGTATAC
:      :      :      :      :      :      :
325 ACTG-----GC-----TAGCAT-----CTTCA-----GCCATTAC-----
1250      1260      1270

3300      3310      3320      3330      3340      3350      3360
Slit  AGGTGAGTTGTGTGAGGAGAAAGCTGGACTTCTGTGCCAGGACCTGAACCCCTGCCAGCACGATTCAAAG
:      :      :      :      :      :      :
325 -----TCTAAACATCTATT-----GTCAGAAATCCCC-----
1280      1290

```

Fig. 5Mxii

```

3370      3380      3390      3400      3410      3420      3430
Slit  TGCATCCTAACTCCAAAGGGATTCAAATGTGACTGCACACCCAGGTACGTAGGTGAACACTGCGACATCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  --CATCCATGC-----GTGGCAGAGCA-----TTACGTT-----
1300      1310      1320

3440      3450      3460      3470      3480      3490      3500
Slit  ATTTTGACGACTGCCAAGACAACAAGTGTAAACGGAGCCCACTGCACAGATGCAGTGAACGGCTATAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATATTAAC-----ATTACAAATTGTGTTA-----CATCTTCA-----ATAA
1330      1340      1350      1360

3510      3520      3530      3540      3550      3560      3570
Slit  GTGCATATGCCCCGGAAGGTTACAGTGGCTTGTCTGTGAGTTTCTCCACCCCATGGTCCTCCCTCGTACC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATGTAT-----CCAGAG-----CTTGGGCT-GTT-----GTAAAAATCTCCTC--ATATTCAATCACAAGA--C
1370      1380      1390      1400      1410

3580      3590      3600      3610      3620      3630      3640
Slit  AGCCCCCTGTGATAAATTTTGATTGTCAGAAATGGAGCTCAGTGTATCGTCAGAAATAAATGAGCCCAATATGTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  TAC---TGGCGCTAAT---GATGGCCTG-----GCATAAAGTAAC--CA-----CAA-ATGGC
1420      1430      1440      1450

```

Fig. 5Mxiii

```

3720      3730      3740      3750      3760      3770      3780
Slit  TTATCTTCAGATTCCCTTCAGCCAGGTTCGGCCTCAGACGAACATAACACTTCAGATTGCCACAGATGAA
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
325  -----CGAATTCCTAC-----TTCACCTGCTGGTAGA-TTTTTCAGAGAAATGCCCTTGGTAA-
      1510      1520      1530      1540      1550

```

```

      3860    3870    3880    3890    3900    3910    3920
Slit GTGCCAGCTATGACACCGGCTCTCATCCAGCTTCTGCCATTACAGTGTGGAGACAATCAATGATGAAA
      .. : ..... : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AA-CTTACTA-----CTTCGTGTACCCTTGAAC---TGAAAAAAACAGTGCT-----
      1600          1610          1620          1630

```

**Fig. 5Mxiv**

```

3930      3940      3950      3960      3970      3980      3990
Slit CTTCCACATTGTGGAACACTACTTGCCCTTGGATCAGAGTCTCTCTTTGTCCGTGGATGGTGGGAACCCCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 CTACCG--AATGATGCTGCTT-----CAATGTC-----AGGGAA-----
1640      1650

4000      4010      4020      4030      4040      4050      4060
Slit ATCATCACTAACTTGTCAAAGCAGTCCACTCTGAATTTTGACTCTCCACTCTATGTAGGAGCATGCCAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AACATCTCTAATTGT-----ACACAAGAAGTTGA-----
1670      1680      1690

4070      4080      4090      4100      4110      4120      4130
Slit GGAAGAGTAACGTGGCATCTCTGCGCCAGGCCCTTGGCAGAACGGAACAGCTTCCACGGCTGCATCCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -GAAGTTGAATGAGGCTT-----TTGACATTTTG---CTAGCTT-----
1700      1710      1720      1730

4140      4150      4160      4170      4180      4190      4200
Slit GAACCTTTACATCAACAGTGAGCTGCAGGACTTCCAGAAGGTGCCGATGCAAAACAGGCCATTTTGCCTGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TTTTCATC-----TTAGCTT-----GTG-----TTTAAATCATTTT-----
1740      1750      1760

```

Fig. 5Mxv

```

4210      TGTGAGCCATGCCACAAGAAGTGTGTGCCCATGGCACATGCCAGCCAGCAGGCTTCACCT
Slit      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
325      TTTGATC--TAC-----AAAGTTGTT-----CAGTTTA---A
          1770          1780          1790

```

Slit GCGAGTCCAGGAAGGATGGATGGGCCCCCTCTGTGACCAACGGACCAATGACCCCTTGCCCTTGGAATAA  
 4280 4290 4300 4310 4320 4330 4340  
 325 ACAAAACTA--AAGG-----CATCAGAAACT-----CAAGGGAAAAT  
 1800 1810 1820

```

4350      4360      4370      4380      4390      4400      4410
Slit  ATCGTACATGGCACCTGCTTGCCCATCAATGCGTTCTCCTACAGCTGTAAGTGCTTGAGGGCCATGGA
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
325  AGACTTGAATA-CTACAGCTT-----TTATCAGTCAGCAAGGTATA-----ATGTA
1830      1840      1850      1860      1870

```

```

4420      4430      4440      4450      4460      4470      4480
Slit  GGTGTCCTCTGTGATGAAGAGGAGGATCTGTTAAACCCATGCCAGCGATCAAGTGCAAGCACGGGAAGT
      . :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  ACTG-CCTCAAT-TTG-----TAACACTTCCC-----CAAATTCT--CT-AGAAAGT
      1880              1890              1900              1910

```

**Fig. 5Mxvi**

```

4490      4500      4510      4520      4530      4540      4550
Slit GCAGGCTTTCAGGTCTGGGCGACCCCTACTGTGAATGCAGCAGTGGATACACGGGGACAGCTGTGATCG
      : : : : :
      : : : : :
325 CCTGGCTT-----GGAGCAG-----ATTC-----GACTTCA-TAAACA
      1920      1930      1940

4560      4570      4580      4590      4600      4610      4620
Slit AGAAATCTCTTGTGAGGGGAAAGGATAAGAGATTATTACCAAAGCAGCAGGGCTATGCTGCTTGCCAA
      : : : : :
      : : : : :
325 AATGT-TC-----C-----TGAAAATGAG-----GCA-CAGGTC-ATTCTTTTGTG---A
      1950      1960      1970      1980

4630      4640      4650      4660      4670      4680      4690
Slit ACAACCAAGAAGGTGTCCCCGATTAGAGTGCAGAGGTGGTGTGCAGGAGGCAGTGTGACCGCTGA
      : : : : :
      : : : : :
325 ACATTC-----TGCTTTATAACTC-----
      1990      2000

4700      4710      4720      4730      4740      4750      4760
Slit GGAGCAAGCGGCGGAAATACTCTTTCGAATGCACTGACGGCTCCTCCTTGTGGACGAGGTGAGAAAGT
      : : : : :
      : : : : :
325 --AACTAA-----ATATTGTCTATAAGAAACT---TCAGTGCCA-----TGGACATGATTATAA-----
      2010      2020      2030      2040      2050

```

Fig. 5Mxvii

```

4770      4780      4790      4800      4810      4820      4830
Slit GGTGAAGTGGGGCTGTACGAGGTGTGTCTTAACACACTCCCGGAGCTCTGTCTTTGGAAAAGTTG
      ::::
325  -----CTG-----AAAC-----CTC-----CTT---ATATAATTA
      2060      2070

4840      4850      4860      4870      4880      4890      4900
Slit TATACTTGTGACCATGTGGGACTAATGAATGCTTCATAGTGGAAATATTTGAAATATATTTGTAATAAC
      :::::
325  TATACTT-TAGT---TGGAAATATAATGAATTATATGAGGTTAGCATTATTAAATAATGTTTAA-----
      2080      2090      2100      2110      2120      2130

4910      4920      4930      4940      4950
Slit AGAACAGACTTATTTTATTATGAGAAATAAAGACTTTTTTTCTGCATTG
      :::::
325  -----TAAAAAATAAATAAAGGCG-----GCCGC-----
      2140      2150      2160

```

Fig. 5Mxviii

ACGGTCCGCACANGCCGGCGGCTGGAGCGGGTGGCGGGCCGGAGCGGAGCACGGCCGAGGACCTGGA	79
M R L P R R A A L G L	
GCTCCGGCTGCGTCTTCCCGCAGCGCTACCCGCC ATG CGC CTG CCG CGC CGG GCC GCG CTG GGG CTC	111 146
L P L L L L L P A P A A A K K P T P C	31
CTG CCG CTT CTG CTG CTG CCG CCC CCG GAG GCC AAG AAG CCG ACG CCC TGC	206
H R C R G L V D K F N Q G M V D T A K K	51
CAC CGG TGC CGG GGG CTG GTG GAC AAG TTT AAC CAG GGG ATG GTG GAC ACC GCA AAG AAG	266
N F G G G N T A W E E K T L S K Y E S S	71
AAC TTT GGC GGC GGC AAC ACG GCT TGG GAG GAA AAG ACG CTG TCC AAG TAC GAG TCC AGC	326
E I R L L L E I L L E G L C E S S D F E C N	91
GAG ATT CGC CTG CTG GAG ATC CTG GAG GGG CTG TGC GAG AGC AGC GAC TTC GAA TGC AAT	386
Q M L E A Q E E H L E A W L Q L K S E	111
CAG ATG CTA GAG GCG CAG GAG GAG CAC CTG GAG GCC TGG TGG CTG CAG CTG AAG AGC GAA	446
Y P D L L F E W F C V K T L K V C C S P G	131
TAT CCT GAC TTA TTC GAG TGG TTT TGT GTG AAG ACA CTG AAA GTG TGC TGC TCT CCA GGA	506

79 / 109

Fig. 6A

T	Y	G	P	D	C	L	A	C	Q	G	G	S	Q	R	P	C	S	G	N	151
ACC	TAC	GGT	CCC	GAC	TGT	CTC	GCA	TGC	CAG	GGC	GGA	TCC	CAG	AGG	CCC	TGC	AGC	GGG	AAT	566
G	H	C	S	G	D	G	S	R	Q	G	D	G	S	C	R	C	H	M	G	171
GGC	CAC	TGC	AGC	GGA	GAT	GGG	AGC	AGA	CAG	GGC	GAC	GGG	TCC	TGC	CGG	TGC	CAC	ATG	GGG	626
Y	Q	G	P	L	C	T	D	C	M	D	G	Y	F	S	S	L	R	N	E	191
TAC	CAG	GGC	CCG	CTG	TGC	ACT	GAC	TGC	ATG	GAC	GGC	TAC	TTC	AGC	TCG	CTC	CGG	AAC	GAG	686
T	H	S	I	C	T	A	C	D	E	S	C	K	T	C	S	G	L	T	N	211
ACC	CAC	AGC	ATC	TGC	ACA	GCC	TGT	GAC	GAG	TCC	TGC	AAG	ACG	TGC	TCG	GGC	CTG	ACC	AAC	746
R	D	C	G	E	C	E	V	G	W	V	L	D	E	G	A	C	V	D	V	231
AGA	GAC	TGC	GGC	GAG	TGT	GAA	GTG	GGC	TGG	GTG	CTG	GAC	GAG	GGC	GCC	TGT	GTG	GAT	GTG	806
D	E	C	A	A	E	P	P	P	C	S	A	A	Q	F	C	K	N	A	N	251
GAC	GAG	TGT	GCG	GCC	GAG	CCG	CCT	CCC	TGC	AGC	GCT	GCG	CAG	TTC	TGT	AAG	AAC	GCC	AAC	866
G	S	Y	T	C	E	E	C	D	S	S	C	V	G	C	T	G	E	G	P	271
GGC	TCC	TAC	ACG	TGC	GAA	GAG	TGT	GAC	TCC	AGC	TGT	GTG	GGC	TGC	ACA	GGG	GAA	GGC	CCA	926
G	N	C	K	E	C	I	S	G	Y	A	R	E	H	G	Q	C	A	D	V	291
GGA	AAC	TGT	AAA	GAG	TGT	ATC	TCT	GGC	TAC	GCG	AGG	GAG	CAC	GGA	CAG	TGT	GCA	GAT	GTG	986

80 / 109

Fig. 6B

D	E	C	S	L	A	E	K	T	C	V	R	K	N	E	N	C	Y	N	T	311
GAC	GAG	TGC	TCA	CTA	GCA	GAA	AAA	ACC	TGT	GTG	AGG	AAA	AAC	GAA	AAC	TGC	TAC	AAT	ACT	1046
P	G	S	Y	V	C	V	C	P	D	G	F	E	E	T	E	D	A	C	V	331
CCA	GGG	AGC	TAC	GTC	TGT	GTG	TGT	CCT	GAC	GGC	TTC	GAA	GAA	ACG	GAA	GAT	GCC	TGT	GTG	1106
P	P	A	E	A	E	A	T	E	G	E	S	P	T	Q	L	P	S	R	E	351
CCG	CCG	GCA	GAG	GCT	GAA	GCC	ACA	GAA	GGA	GAA	AGC	CCG	ACA	CAG	CTG	CCC	TCC	CGC	GAA	1166
D	L	*																	354	
GAC	CTG	TAA																	1175	
TGT	GCG	GACT	TAC	CTT	TAA	ATT	TAT	TCA	GAA	GAT	GT	CCCG	TG	GAAA	ATG	TGG	CCCT	GAG	GAT	1254
GGAC	AGCG	GGG	GAG	AGG	CTG	CTCT	CTCT	CTA	ACG	GTG	TAT	CTCAT	TTGT	CCCC	T	TAA	ACAG	CTGC	ATTCT	1333
TTCT	TAA	ACAG	ACT	TGT	ATAT	TTT	GAT	ACAG	TTCT	TTG	TAA	TAAAA	TTG	ACC	ATT	GAC	CATT	GTAG	TAAT	1412
AAAA	AGG	CGG	CGC	GCT	AGAC															1432

Fig. 6C



**Fig. 6E**

```

10      20      30      40      50
C  --GTAGCCGGG--GGAACGGC-CGGC-----GCGCTTG-----CCGGTGGCGGAGCGGAGACT-CCACA
: . : : . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  ACGCGTCCGCACANGCCCGCGGCTGGAGCGGGTGGGCGCGGAGCGGAGCCGGAGCAGCAGCAGCGCCGCA
10      20      30      40      50      60      70

60      70      80      90      100      110
C  G---CAGTT-CTC-TGCCG-GTCG-CCCGCGAGTGC-ACCCGCCCATGCACCTGCCGC-CCGCTGCCGCAG
: . : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GGACCTGGAGCTCCGGCTGCGTCTTCCCGC-AGCGCTACCCGCCCATGCGCTGCCGCGCGG-GGCCGCGC
80      90      100      110      120      130

120      130      140      150      160      170      180
C  TCGGGCT---GCTACTGCTGCTGCTGCCGCCCTCCCGCGCGGTGGCCTCCCGGAAGCCGACAATGTGCCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  TGGGGCTCCTGCCGCTTCTGCTGCTGCTGCCGCCCGCGCGGAGCGCCCAAGAACGCGACGCCCTGCCA
140      150      160      170      180      190      200

190      200      210      220      230      240      250
C  GAGGTGCCGGCGCTGGTGGACAAGTTCAACCAGGGGATGCCCAACACGCGCCAGGAAGAATTTCGGCGGC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  CCGGTGCCGGCGCTGGTGGACAAGTTTAACCAGGGGATGGTGGACACCGCAAGAAAGAACTTTGGCGGC
210      220      230      240      250      260      270

```

Fig. 6F

**Fig. 6G**

**Fig. 6H**

**Fig. 61**

```

1100      1110      1120      1130      1140      1150
C AAGCGAAGTGCAGAGGAAAGT--CCC-ACACAGCCACCTCCCATGAGGATTGTGACGGGCATCCAG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGGCTGAAGCCACAGAGGAGAAAGCCCGACACAGCTGCCCTCCCGCGAAGA-----CCTG
1120      1130      1140      1150      1160      1170
1160      1170      1180      1190      1200      1210      1220
C GTTCAGAAGCTGGACTCTCACCCCTTTAAAGTTATTGAGAGGACATCCTATAGAAAATGTGCCCCATGGAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H --TAATGTGCCGGA--T--ACCCCTTTAAATTATTCAGAAGGATGTCCTCCGTGGAATAATGTGCCCTGAGGA
1180      1190      1200      1210      1220      1230

1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290
C ATCAACCCCATTTCTCCAGGAAGTTTGG-AGGAAGAAAGCTGCCCTGCTTTGAAACAGTAGATCACTT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H TGCCGTCTC---CTGCAGTGGACAGCGCGGGGAGAGGCTGCCCTGCTCTCTAACGGTTGATTCTCATTT
1240      1250      1260      1270      1280      1290      1300
1300      1310      1320      1330      1340      1350      1360
C GGCCCTTTAAACGCTGCATTTCTTGGTGTTCTTAAACAGATTTCGTATATTTTGATACTGTTCTTTATA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTCCCTTAAACA-GCTGCAATTTCTTGGTTGTTCTTAAACAGACTTGTATATTTTGATACAGTTCTTTGTA
1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370

1370      1380      1390
C ATAAAATTGATCATTTGAAGTCAACAGGAA-----CA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ATAAAATTGACCATTTGTAGGTAATCAAAAAAATAAAAAAAGGGCGCGCTAGAC
1380      1390      1400      1410      1420      1430

```

Fig. 6J

GTCGACCCACGGTCCGTCTCTGGGCCCCAGCCCTCTCTCCTCAGGCTCGGCGCAGTCTCCGGCCGAGTCTCAGCTGCAGCTG	79
CAGGACTGAGCCCGTGACACCCGGAGAGAGACCCCGGAGGAGCGGACAAACTTCGCAGTGCCGCGACCCCAACCCAGCCCT	158
GGGTAGCCTGCAGC ATG GCC CAG CTG TTC CTG CCC CTG CTG GCA GCC CTG GTC CTG GCC CAG	16 220
A P A A L A D V L E G D S S E D R A F R	36
GCT CCT GCA GCT TTA GCA GAT GTT CTG GAA GGA GAC AGC TCA GAG GAC CGC GCT TTT CGC	280
V R I A G D A P L Q G V L G G A L T I P	56
GTG CGC ATC GCG GGC GAC GCG CCA CTG CAG GGC GTG CTC GGC GGC CTC ACC ATC CCT	340
C H V H Y L R P P P S R R A V L G S P R	76
TGC CAC GTC CAC TAC CTG CGG CCA CCG CCG AGC CGC CGG GCT GTG CTG GGC TCT CCG CGG	400
V K W T F L S R G R E A E V L V A R G V	96
GTC AAG TGG ACT TTC CTG TCC CGG GGC CGG GAG GCA GAG GTG CTG GTG GCG CGG GGA GTG	460
R V K V N E A Y R F R V A L P A Y P A S	116
CGC GTC AAG GTG AAC GAG GCC TAC CGG TTC CGC GTG GCA CTG CCT CGG TAC CCA GCG TCG	520
L T D V S L A L S E L R P N D S G I Y R	136
CTC ACC GAC GTC TCC CTG GCG CTG AGC GAG CTG CGC CCC AAC GAC TCA GGT ATC TAT CGC	580

89/109

Fig. 7A

C	E	V	Q	H	G	I	D	S	S	D	A	V	E	V	K	V	K	G	156	
TGT	GAG	GTC	CAG	CAC	CAC	GAT	GAT	GAC	AGC	AGC	GAC	GCT	GTG	GAG	GTC	AAG	GTC	AAA	GGG	640
V	V	F	L	Y	R	E	G	S	A	R	Y	A	F	S	F	S	G	A	Q	176
GTC	GTC	TTT	CTC	TAC	CGA	GAG	GGC	TCT	GCC	CGC	TAT	GCT	TTC	TCC	TTT	TCT	GGG	GCC	CAG	700
E	A	C	A	R	I	G	A	H	I	A	T	P	E	Q	L	Y	A	A	Y	196
GAG	GCC	TGT	GCC	CGC	ATC	GGA	GCC	CAC	ATC	GCC	ACC	CCG	GAG	CAG	CTC	TAT	GCC	GCC	TAC	760
L	G	G	Y	E	Q	C	D	A	G	W	L	S	D	Q	T	V	R	Y	P	216
CTT	GGG	GGC	TAT	GAG	CAA	TGT	GAT	GCT	GGC	TGG	CTG	TCG	GAT	CAG	ACC	GTG	AGG	TAT	CCC	820
I	Q	T	P	R	E	A	C	Y	G	D	M	D	G	F	P	G	V	R	N	236
ATC	CAG	ACC	CCA	CGA	GAG	GCC	TGT	TAC	GGA	GAC	ATG	GAT	GGC	TTC	CCC	GGG	GTC	CGG	AAC	880
Y	G	V	V	D	P	D	D	L	Y	D	V	Y	C	Y	A	E	D	L	N	256
TAT	GGT	GTG	GTG	GAC	CCG	GAT	GAC	CTC	TAT	GAT	GTG	TAC	TGT	TAT	GCT	GAA	GAC	CTA	AAT	940
G	E	L	F	L	G	D	P	P	E	K	L	T	L	E	E	A	R	A	Y	276
GGA	GAA	CTG	TTC	CTG	GGT	GAC	CCT	CCA	GAG	AAG	CTG	ACA	TTG	GAG	GAA	GCA	CGG	GCG	TAC	1000
C	Q	E	R	G	A	E	I	A	T	T	G	Q	L	Y	A	A	W	D	G	296
TGC	CAG	GAG	CGG	GGT	GCA	GAG	ATT	GCC	ACC	ACG	GGC	CAA	CTG	TAT	GCA	GCC	TGG	GAT	GGT	1060

90 / 109

Fig. 7B

G	L	D	H	C	S	P	G	W	L	A	D	G	S	V	R	Y	P	I	V	316
GGC	CTG	GAC	CAC	TGC	AGC	CCA	GGG	TGG	CTA	GCT	GAT	GGC	AGT	GTG	CGC	TAC	CCC	ATC	GTC	1120
T	P	S	Q	R	C	G	G	G	L	P	G	V	K	T	L	F	L	F	P	336
ACA	CCC	AGC	CAG	CGC	TGT	GGT	GGG	GGC	TTG	CCT	GGT	GTC	AAG	ACT	CTC	TTT	CTC	TTC	CCC	1180
N	Q	T	G	F	P	N	K	H	S	R	F	N	V	Y	C	F	R	D	S	356
AAC	CAG	ACT	GGC	TTC	CCC	AAT	AAG	CAC	AGC	CGC	TTC	AAC	GTC	TAC	TGC	TTT	CGA	GAC	TCG	1240
A	Q	P	S	A	I	P	E	A	S	N	P	A	S	N	P	A	S	D	G	376
GCC	CAG	CCT	TCT	GCC	ATC	CCT	GAG	GCC	TCC	AAC	CCA	GCC	TCC	AAC	CCA	GCC	TCT	GAT	GGA	1300
L	E	A	I	V	T	V	T	E	T	L	E	E	L	Q	L	P	Q	E	A	396
CTA	GAG	GCT	ATC	GTC	ACA	GTG	ACA	GAG	ACC	CTG	GAG	GAA	CTG	CAG	CTG	CCT	CAG	GAA	GCC	1360
T	E	S	E	S	R	G	A	I	Y	S	I	P	I	M	E	D	G	G	G	416
ACA	GAG	AGT	GAA	TCC	CGT	GGG	GCC	ATC	TAC	TCC	ATC	CCC	ATC	ATG	GAG	GAC	GGA	GGA	GGT	1420
G	S	S	T	P	E	D	P	A	E	A	P	R	T	L	L	E	F	E	T	436
GGA	AGC	TCC	ACT	CCA	GAA	GAC	CCA	GCA	GAG	GCC	CCT	AGG	ACG	CTC	CTA	GAA	TTT	GAA	ACA	1480
Q	S	M	V	P	P	T	G	F	S	E	E	E	G	K	A	L	E	E	E	456
CAA	TCC	ATG	GTA	CCG	CCC	ACG	GGG	TTC	TCA	GAA	GAG	GAA	GGT	AAG	GCA	TTG	GAG	GAA	GAA	1540

91 / 109

Fig. 7C

E K Y E D E E E E E E E E E E E D	476
GAG AAA TAT GAA GAT GAA GAG AAA GAG GAG GAG GAA GAA GAG GAG GTG GAG GAT	1600
E A L W A W P S E L S S S P G P E A S L P	496
GAG GCT CTG TGG GCA TGG CCC AGC GAG CTC AGC AGC CCG GGC CCT GAG GCC TCT CTC CCC	1660
T E P A A Q E K S L S Q A P A R A V L Q	516
ACT GAG CCA GCA GCC CAG GAG AAG TCA CTC TCC CAG GCG CCA GCA AGG GCA GTC CTG CAG	1720
P G A S P L P D G E S E A S R P P R V H	536
CCT GGT GCA TCA CCA CTT CCT GAT GGA GAG TCA GAA GCT TCC AGG CCT CCA AGG GTC CAT	1780
G P P T E T L P T P R E R N L A S P S P	556
GGA CCA CCT ACT GAG ACT CTG CCC ACT CCC AGG GAG AGG AAC CTA GCA TCC CCA TCA CCT	1840
S T L V E A R E V G E A T G G P E L S G	576
TCC ACT CTG GTT GAG GCA AGA GAG GTG GGG GAG GCA ACT GGT GGT CCT GAG CTA TCT GGG	1900
V P R G E S E E T G S S E G A P S L L P	596
GTC CCT CGA GGA GAG AGC GAG ACA GGA AGC TCC GAG GGT GCC CCT TCC CTG CTT CCA	1960
A T R A P E G T R E L E A P S E D N S G	616
GCC ACA CGG GCC CCT GAG GGT ACC AGG GAG CTG GAG GCC CCC TCT GAA GAT AAT TCT GGA	2020

2 / 109

Fig. 7D

R	T	A	P	A	G	T	S	V	Q	A	Q	P	V	L	P	T	D	S	A	636
AGA	ACT	GCC	CCA	GCA	GGG	ACC	TCA	GTG	CAG	GCC	CAG	CCA	GTG	CTG	CCC	ACT	GAC	AGC	GCC	2080
S	R	G	G	V	A	V	V	P	A	S	G	N	S	A	Q	G	S	T	A	656
AGC	CGA	GGT	GGA	GTG	GCC	GTG	GTC	CCC	GCA	TCA	GGT	AAT	TCT	GCC	CAA	GGC	TCA	ACT	GCC	2140
L	S	I	L	L	L	F	F	P	L	Q	L	W	V	T	*					672
CTC	TCT	ATC	CTA	CTC	CTT	TTC	TTC	CCC	CTG	CAG	CTC	TGG	GTC	ACC	TGA					2188
CCT	G	T	A	G	T	C	C	T	T	A	A	C	C	C	A	C	T	C	T	2267
TCT	C	A	A	T	C	T	G	G	T	A	T	C	T	C	A	G	C	T	T	2346
CAT	C	T	G	T	G	A	C	C	T	T	G	G	C	C	T	C	C	A	C	2425
CTC	C	A	A	G	G	T	C	C	T	A	T	T	C	C	A	C	T	T	C	2504
G	T	C	C	C	T	T	A	G	C	T	T	C	A	G	G	A	G	C	C	2583
A	A	C	C	G	T	A	C	C	C	C	T	T	T	T	G	A	C	T	T	2662
A	A	T	A	A	T	C	T	A	A	C	C	G	C	T	T	G	T	A	A	2730

Fig. 7E

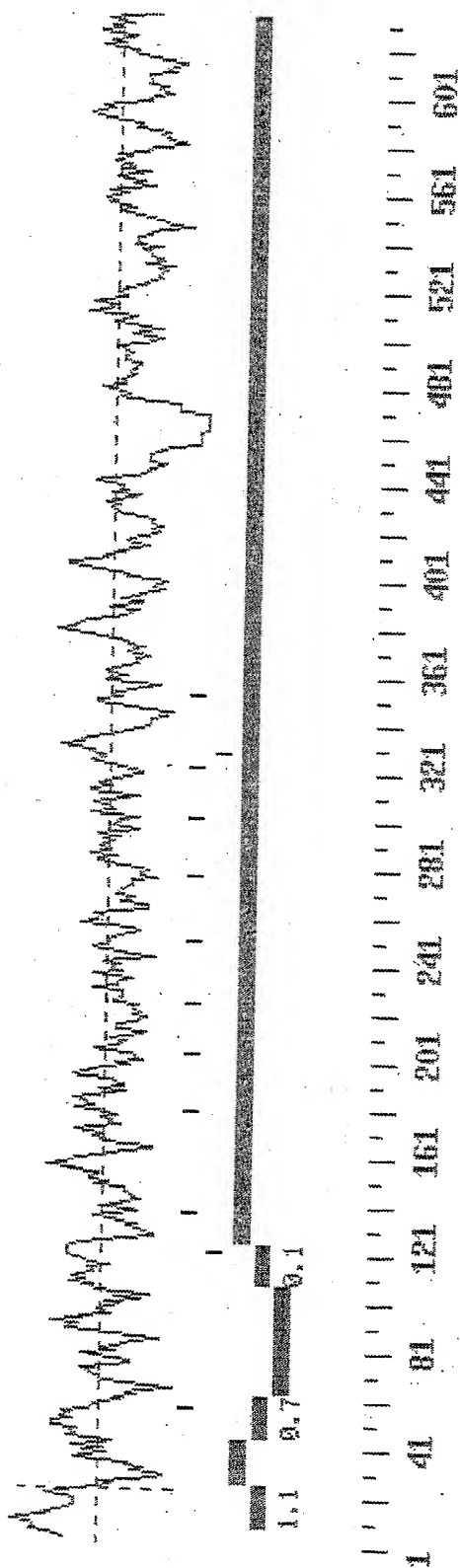


Fig. 7F

**Fig. 7G**

**Fig. 7H**

**Fig. 7I**

**Fig. 7J**

	750	760	770	780	790	800	810
M	ENWNPQD	SFYFLSGENCVMVWH	DQGQWS	DVPCNYHLSY	TCKMGLVSCGPPQLP	LAI	FGRPRILRYAV
H	- - - - - F - - - - -	:	:	:	:	:	:
	- - - - - F - - - - -						
	- - - - - F - - - - -						

MT

**Fig. 7K**

```

10      20      30      40      50
H  GTCG-ACCCA-CG-----CGTCC-----GTCCTGGGCCCCAGCCTCTCCTCAGCTCGCGCAGTC
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  GAGGCTCCCGGCGAGCTGGCGCCCCCTGTCTGGGTCCCGCGCGCCCCGGCC-CTGCTCGCGCCCCGCGCA-TC
    10      20      30      40      50      60

60      70      80      90      100     110     120
H  TCCGCCGCAGTCTCAG-CTGCAGCTGCAGGACTGAGCCCGTGCACCCGGAGGAGACCCCGGAGGAGGCGGA
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  GC-GCCGCAGTCTCGGTCTGCGGCTGCGGACGTGACGGCGTGC GCGGAGGGGACCTC-----GCAA
    70      80      90      100     110     120

130     140     150     160     170     180     190
H  CAAACTTCGCAGTGCCCGGACCCCAACCCAGCCCTGGGTAGCCTGCAGCATGGCCAGCTGTTCTCTGCC
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  -GTTCTTC-----CATC-----AGTG---TGCAGAAATGATACCACTGCTTCTGTCC
    130     140     150     160     170

200     210     220     230     240     250     260
H  CTGCTGGCAGCCCTGGTCCCTGGCCAGGCTCCTGCAGCTTTAGCAGATGTTCTGGAAGGAGACAGCTCAG
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  CTGCTGGCCGCTCTGGTCCCTGACCCAAAGCCCTGCCGCCCTCGCTGATGACCTGAAAGAAGACAGCTCGG
    180     190     200     210     220     230     240

270     280     290     300     310     320     330
H  AGGACCGCGCTTTTCGCGTGCGCATCGGGGCGACGCGCCACTGCAGGGCGGTGCTCGGCGGCGCCCTCAC
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  AGGATCGAGCCTTCCGCGTGCGCATCG-GTGC--CGCGCAGCTGCGGGGCGGTGCTGGGCGGTGCCCTGGC
    250     260     270     280     290     300

```

Fig. 7L

H AAGTGGACTTTCTGTCCCGGGCCGGAGGCAGAGTGCTGTCGCCGGGGAGTGCCGCTCAAGGTGA  
:::  
M AAGTGGACCTTCTGTCCCGGGACCGGAGGTAGAGTTCTGTTGGCTCGCGGGCTGCGGCTCAAGGTAA  
380 390 400 410 420 430 440 450 460 470

```

      550       560       570       580       590       600       610
H  GAGCGAGCTGCGCCCCAACGACTCAGGTATCTATCGTGTGAGGTCCAGCACGGCATCGATGACAGCAGC
      :::::::::::::::::::: : :::::::::::::::::::: : :::::::::::::::::::: :
M  GAGCGAACTGCGGCCCAATGATTCCGGGGTCTATCGTGCGAGGTCCAGCACGGTATCGACGACAGCAGT
      520       530       540       550       560       570       580

```

**Fig. 7M**

```

690      700      710      720      730      740      750
H CCTTTTCTGGGGCCAGGAGGCTGTGCCCGCATTGGAGCCACATCGCCACCCGGAGCAGCTCTATGC
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M CCTTCGCTGGAGCCCAAGGAGCCTGCGCTCGCATAGGAGCCCGAATCGCCACCCGGAGCAGCTCTATGC
660      670      680      690      700      710      720

760      770      780      790      800      810      820
H CGCCTACCTTGGGGCTATGAGCAATGTGATGCTGGCTGGCTCGGATCAGACCGTGAGGTATCCCATC
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M TGCCTACCTCGGCGGCTATGAGCAGTGTGATGCAGGCTGGCTGTCCGACCAAACTGTGAGGTACCCCATC
730      740      750      760      770      780      790

830      840      850      860      870      880      890
H CAGACCCCAAGAGGCCTGTTACGGAGACATGGATGGCTTCCCGGGGTCCGGAACATATGGTGTGGTGG
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M CAGAAACCAAGAGGCCTGCTCTGGAGACATGGATGGCTATCCTGGCGTGCAGAACTACGGAGTGGTGG
800      810      820      830      840      850      860

900      910      920      930      940      950      960
H ACCCGGATGACCTCTATGATGTGTACTGTATGCTGAAGACCTAAATGGAGAACTGTTCTCTGGGTGACCC
   . :: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M GTCCCTGATGATCTCTATGATGTCTACTGTATGCCGAAGACCTAAATGGAGAACTGTTCTCTAGCGCCCC
870      880      890      900      910      920      930

970      980      990      1000      1010      1020      1030
H TCCAGAGAAGCTGACATTTGGAGGAAGCACGGCGTACTGCCAGGAGCGGGGTGCAGAGATTGCCACACAG
   :: . :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M TCCCAGCAAGCTGACATGGGAGGAGGCTCGGGACTACTGTCTGGAACGTGGTGCACAGATCGCTAGCACA
940      950      960      970      980      990      1000

```

Fig. 7N

```

1040      1050      1060      1070      1080      1090      1100
H  GGCCAACTGTATGCAGCCTGGGATGGTGGCCTGGACCACTGCAGCCAGGGTGGCTAGCTGATGGCAGTG
      :::::::::::::::::::::::::::  :::::::::::::::::::::::::::  :
M  GGCCAGCTGTACGCAGCCTGGAATGGTGGCCTGGACAGATGTAGCCCTGGCTGGCTGGCTGATGGCAGCG
1010      1020      1030      1040      1050      1060      1070

1110      1120      1130      1140      1150      1160      1170
H  TGGCTACCCCATCGTCACACCCAGCCAGCGCTGTGGTGGGGGCTTGCCCTGGTGTCAAGACTCTCTTCCT
      :::::::::::::::::::::::::::  :::::::::::::::::::::::::::  :
M  TGGCTATCCCATCATCACACCCAGCCAAAGCTGTGGGGGGCGGCTGCCAGGAGTCAAGACCCCTCTTCCT
1080      1090      1100      1110      1120      1130      1140

1180      1190      1200      1210      1220      1230      1240
H  CTTCCCCAACCACTGGCTTCCCCCAATAAGCACAGCCGCTTCAACGTCTACTGCTTCCGAGACTCGGCC
      :::::::::::::::::::::::::::  :::::::::::::::::::::::::::  :
M  CTTTCCCCAACCACTGGCTTCCCCCAGCAAGCAAGCAACCGCTTCAATGTCTACTGCTTCCGAGACTCTGCC
1150      1160      1170      1180      1190      1200      1210

1250      1260      1270      1280      1290      1300      1310
H  CAGCCTTCTGCCATCCCTGAGGCCTCCAAACCCAGCCTCCAACCCAGCCTCTGTGACTAGAGGCTATCG
      :::::::::::  :  ::::::::::::::  ::::::::::::::  ::::::::::::::  :::
M  CATCCCTCTGCTTCCCTCTGAGGCCTCTAGCCCAAGCCTC-----AGATGGACTTGAGGCCATTG
1220      1230      1240      1250      1260      1270

1320      1330      1340      1350      1360      1370      1380
H  TCACAGTGACAGAGACCCCTGGAGGAACTGCAGCTGCCTCAGGAAGCCACAGAGAGTGAATCCCGTGGGGC
      ::::::::::::::  ::::::::::::::  ::::::::::::::  ::::::::::::::  :
M  TCACAGTGACAGAAAAGCTGGAGGAACTGCAGCTGCCTCAGGAAGCGATGGAGAGCGAGTCTCGTGGGGC
1280      1290      1300      1310      1320      1330      1340

```

Fig. 70

```

1670      1680      1690      1700      1710      1720
H  GAGCCAGCAGCCAGGAGAGTCACTCTCCAGG-----CGCCAGCAAGGCAGTCTTCAGCCTGGTG
..  :::  ::  :::  :  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
M  GGCTCAGAAAC---AGAGCATTCACCTCTCCAGGTGTCCCCACCAGCCAGGCAGTTCTACAGCTGGATG
1600      1610      1620      1630      1640      1650      1660

```

**Fig. 7P**

	2010	2020	2030	2040	2050	2060	2070
H	CTCTGAAGATAATTCTGGAAGAACTGCCCCAGCAGGGACCTCAGTGCAGGCCCAGCCAGTGTGCCCCACT						
	::::::::: :: ::::::::::::::: :: ::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: :::::::::::::::						
M	CTCAGAAGAGAAAGTCTGGAAGAACTGTCTCTGGCAGGCACCTCAGTGCAGGCCCAGCCAGTGTGCCCCACC						
	1910	1920	1930	1940	1950	1960	1970

**Fig. 7Q**

**Fig. 7R**

```

2280      2290      2300      2310      2320
H --CAATCTCGGATATCCAC-----CTTGTGG-GTATCTCAGCTCTCCGGT-CTT-TACCCCTGTG-AT
: ::: ::::: : : ::::: : : ::::: : : ::::: : :
M GACCATCGAGGGTGACTTCTTGTGGTCAGATGGTCCCCCTCTGCTCTATGAAAACTGGAACCCCTGGGCAG
2330      2340      2350      2360      2370      2380      2390

2330      2340
H CC---CAGC-----CCCGCC-----ACTG-----ACCA---TCTGTGA----
: :::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CCTGACAGCTACTTCTGTCTGTGGGAGAACTGTGTGGTCATGGTGGCATGACCAGGGACAGTGGAGTG
2400      2410      2420      2430      2440      2450      2460

2360      2370      2380      2390
H ----CCCTTCC-CTGCCATTGGGCC--CTCCA-----CCTGTGG--CTCACATCTC
: :::: : ::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M ATGTGCCCTGCAACTACCATCTATCCTACACCTGCAAGATGGGGCTTGTGTCTGTGGGCTC-CACCAC
2470      2480      2490      2500      2510      2520      2530

2400      2410      2420      2430      2440      2450
H GCCAGCCCCA----CA-----GAGCATCCTCAG----GCCCTCCAAGGTCTCTCATCACCTATTGCA
. :::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M AGCTACCCCTGGCTCAAAATATTGGTCGCCCTCGGCTGCGCTACGCGGTGGATACTGTGCTTCGATATCG
2540      2550      2560      2570      2580      2590      2600

2460      2470      2480
H --GCCCTT--CAGG---GCTCGGC-----CTATTTTCCACTAC-----TCC
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M ATGCCGAGACGGGCTGGCTCAGCGCAACCTGCGGTTGATCCGCTGCCAGGAGAAATGGGCTTTGGGAGGCC
2610      2620      2630      2640      2650      2660      2670

```

Fig. 7S

```

2490      2500      2510      2520      2530
H CTTCA-TCCGCCCTGTGTGCC-----GTCC---CCTTAGCTGC-CTCCT-----ATTGATCTC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CCTCAGATTTCCTGTGTACCCCGGAGGCCCTGGCCGTGCTCTGCGCTCCATGGACGCCCCAGAGGACCAC
2680      2690      2700      2710      2720      2730      2740

2540
H AGGGA-AGC-----CTGGGAGTC-CC-TTCTCACC--CCTC-AACCTCCGGAGT-CCAGGAGAAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGACAGCTCTCGAGGCACAGGAAGGCACCGTTGACACCGCCCTCCAGTCTCTAGGGAGCCTGGAAGAC
2750      2760      2770      2780      2790      2800      2810

2590      2600      2610      2620      2630
H CCGTACCCCCA-CAGAGCCTTAA-GCAACTACT-----TCT-----GTGAAGTATTT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M TGCTGCCCCCAGCAGGACCCCTCTCACATCAACTGCCAGTGCTCTTCCCCATGATAGGGGTGACGTGAGA
2820      2830      2840      2850      2860      2870      2880

2640      2650
H ----TTTGACTGT--TTCA-----TGAAACA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGGTGGGACTGAAATTTCAGAGGACAGCGCTCGAAGGGTTTCTGGGAAACACTTGGGTGGCTCCGCCCC
2890      2900      2910      2920      2930      2940      2950

2660      2670      2680
H -----AGCCTTGAAAT-----AAATCTCTATTAA-----AC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CTCACACAAGGGCCTCAGGTTTACCCGGTAAGTCCCTAAGTGCCTCAACTGCCCTCTCATGTCTCAGCTGC
2960      2970      2980      2990      3000      3010      3020

```

Fig. 7T

```

      2690                                2700
H  CGCTTTGT-----AAC-----CAAAAAAAAAAAAAAA
   : : : : :
M  CTCCTTGTCCCTCGATNTCGTNAGGGGACACTGTGCTATTTCGATCTTGATTGTCGAAGAGTTTTTAGGAT
   3030 3040 3050 3060 3070 3080 3090
      2710                                2730
H  AAA-----AAAAAAAGGGCGG--CC-----GC
   ... : : : : : : : :
M  GGAGTACCAGCAAAACCAGGTGGAAATAAAGTTGTCTGAACCCCAAGAAAAAA
   3100 3110 3120 3130 3140 3150

```

Fig. 7U